

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Contents

II-1	Introduction	9
II-2	Annotated features	10
II-3	Sequences	13
II-4	Alignments	18

II-1 Introduction

While the “web-alignment” this year has grown to 2229 full-length genomes, the compendium alignment herein has strict page limitations. The selection here was made such that subtypes A-G, CRF’s 01 and 02, and CPZ are represented with one sequence from most countries where the subtype has been sequenced. Priority was given to more recently sampled sequences to reflect the current pandemic diversity. For the rare subtypes H–K and groups N–P most available sequences are included, and for CRF’s 03 and up, one representative is included. Unique recombinant forms and unclassified sequences are not included. This resulted in 199 sequences of HIV-1/SIVcpz from all over the world.

The HXB2 sequence (accession K03455) is the master sequence in this alignment. This is also the genome coordinate standard used throughout the HIV Database. The alignment was generated by MAFFT v7.043 (E-INS-i with gap open penalty 2.0). The alignment was subsequently codon-aligned using GeneCutter, followed by a few manual edits to fix obvious misalignments. The alignment presented cannot be considered an “optimal alignment” to any single criterion; it is a compromise between optimal alignment, readability, and codon alignment. Most gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when the alignment is translated.

Also part of this nucleotide alignment is a translation to protein sequence based on the HXB2 sequence; the HIV genome has many overlapping coding regions, and all are shown. For more complete annotation of functional domains, see the protein sequence alignments in Chapter V.

II-2 Annotated features

Features of HIV-1 annotated in the alignment that follows.

Feature	Location	Page
5' LTR U3 start	1	18
TCF-1 alpha	315-329	20
NF- κ -B-II	350-359	22
NF- κ -B-I	364-373	22
Sp1-III	375-386	22
Sp1-II	388-397	22
Sp1-I	398-408	22
TATA Box	427-431	22
TAR element start	453	24
5' LTR U3 end	455	24
+1 mRNA start site	456	24
5' LTR R repeat begin	456	24
TAR element end	513	24
Poly-A signal	527-532	24
5' LTR R repeat end	551	24
5' LTR U5 start	552	24
Extensive secondary structure	568-605	24
5' LTR U5 end	633	26
Lys tRNA primer binding site	634-653	26
Packaging loops begin	681	26
Packaging loops end	789	28
Gag and Gag-Pol start	790	28
Gag p17 Matrix end	1185	34
Gag p24 Capsid start	1186	34
Gag p24 Capsid end	1881	42
Gag p2 start	1882	42
Gag p2 end	1920	44
Gag-Pol fusion TF protein start	1921	44
Gag p7 nucleocapsid start	1921	44
Gag p7 nucleocapsid end	2085	46
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2085	46
Pol start	2085	46
Gag p1 start	2086	46
Gag p1 end	2133	46
Gag p6 start	2134	46
Gag-Pol TF end	2252	50
Pol protease start	2253	50
Gag p6 end	2292	50
Gag end	2292	50
Pol Protease end	2549	52
Pol p66 and p51 RT start	2550	52
p51 end and p66 RT continue	3869	68
Pol p15 RNase H start	3870	68
Pol p66 RT, Pol p15 RNase H end	4229	72
Pol p31 Integrase start	4230	72
Vif start	5041	82
Pol, Gag-Pol, and p31 integrase end	5096	84
Vpr start	5559	90

Feature	Location	Page
Vif end	5619	90
frameshift insert in HXB2	5772	92
Vpr premature end (HXB2 only)	5795	92
Tat exon 1 start	5831	94
Vpr end	5850	94
Rev exon 1 start	5970	94
Tat Rev exon 1 end	6045	96
intron start	6046	96
Vpu start (ACG in HXB2)	6062	96
Vpu transmembrane domain start	6062	96
Vpu transmembrane domain end	6143	98
Env start	6225	100
Vpu end	6310	100
Env signal peptide end	6314	100
Env gp120 start	6315	100
V1 loop start	6615	104
V1 loop end	6692	106
V2 loop start	6696	106
V2 loop end	6812	110
V3 loop start	7110	112
V3 loop end	7217	114
V4 loop start	7377	116
V4 loop end	7478	118
V5 start	7602	120
V5 end	7634	122
Rev Responsive Element (RRE) region	7710	122
Env gp120 end	7757	122
Env gp41 start	7758	122
RRE end	8061	126
Env gp41 transmembrane domain	8277-8336	130
Tat Rev intron end	8378	130
Tat Rev exon 2 start	8379	130
Tat premature stop in HXB2	8424	132
Tat end	8469	132
Rev end (TAA) in some lineages	8605	134
Rev end	8653	134
Env gp41, gp160 end	8795	136
Nef start	8797	136
3' LTR U3 start	9086	142
Nef premature end in HXB2	9168	142
TCF-1 alpha binding	9400-9414	146
Nef end	9417	146
NF- κ -B-II	9435-9444	148
NF- κ -B-I	9449-9458	148
Sp1-III	9462-9471	148
Sp1-II	9473-9482	148
Sp1-I	9483-9493	148
TATA box	9512-9516	148
TAR element start	9538	148
3' LTR U3 end	9540	148
3' LTR repeat start	9541	148
TAR element end	9599	150
Poly-A signal	9612-9617	150

Feature	Location	Page
3'LTR R repeat end	9636	150
3'LTR U5 start	9637	150
3'LTR U5 end	9719	152

II-3 Sequences

Sequences included in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignment.

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
A1.AU.03.PS1044_Day0	DQ676872	Australia	Li, B.	<i>J Virol</i> 81 (1):193-201 (2007)
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538	JQ403028	Switzerland	Henn, M.R.	<i>PLoS Pathog</i> 8 (3):E1002529 (2012)
A1.ES.06.X2110	FJ670523	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
A1.IT.02.60000	EU861977	Italy	Riva, C.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1319-25 (2008)
A1.KE.06.06KECst_001	FJ623487	Kenya	Tovanabutra, S.	<i>ARHR</i> 26 (2); 123-31 (2010)
A1.RU.11.11RU6950	JX500694	Russia	Baryshev, P.B.	Unpublished
A1.RW.07.pR463F	JX236677	Rwanda	Baalwa, J.	<i>Virology</i> 436 (1):33-48 (2013)
A1.SE.95.SE8538	AF069669	Sweden	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 13 (14); 1819-26 (1999)
A1.TZ.01.A341	AY253314	Tanzania	Arroyo, M.A.	<i>ARHR</i> 20 (8):895-901 (2004)
A1.UA.01.01UADN139	DQ823357	Ukraine	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 22 (8):709-714 (2006)
A1.UG.07.p191845	JX236671	Uganda	Baalwa, J.	<i>Virology</i> 436 (1):33-48 (2013)
A1.ZA.04.04ZASK162B1	DQ396400	S. Africa	Rousseau, C.M.	<i>J Virol Methods</i> 136 (1-2):118-125 (2006)
A2.CD.97.97CDKTB48	AF286238	D.R.C.	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
A2.CM.01.01CM_1445MV	GU201516	Cameroon	Carr, J.K.	<i>Retrovirology</i> 2010 Apr 28;7:39
A2.CY.94.94CY017_41	AF286237	Cyprus	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
B.AR.04.04AR143170	DQ383750	Argentina	Pando, M.A.	<i>Retrovirology</i> 3 , 59 (2006)
B.AU.04.PS1038_Day174	DQ676871	Australia	Li, B.	<i>J Virol</i> 81 (1):193-201 (2007)
B.BO.09.DEMB09BO001	JX140656	Bolivia	Hora, B.	Unpublished
B.BR.06.06BR1119	JN692480	Brazil	Sanabani, S.S.	<i>PLoS ONE</i> 6 (10):E25869 (2011)
B.CA.07.502_1191_03	JF320424	Canada	Rolland, M.	<i>Nat Med</i> 17 (3); 366-71 (2011)
B.CH.04.HIV_CH_BID_V4408	JQ403042	Switzerland	Henn, M.R.	<i>PLoS Pathog</i> 8 (3):E1002529 (2012)
B.CN.10.DEMB10CN002	JX140658	China	Hora, B.	Unpublished
B.CO.01.PCM001	AY561236	Colombia	Sanchez, G.I.	<i>Am J Trop Med Hyg</i> 74 (4); 674-7 (2006)
B.CU.99.Cu19	AY586542	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
B.CY.09.CY266	JF683807	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
B.DE.04.HIV_DE_BID_V4131	JQ403037	Germany	Henn, M.R.	<i>PLoS Pathog</i> 8 (3):E1002529 (2012)
B.DK.07.PMVL_011	FJ694790	Denmark	Vinner, L.	<i>APMIS</i> 119 (8); 487-97 (2011)
B.DO.05.05DO_160884	EU839597	Dominican Republic	Nadai, Y.	<i>PLoS ONE</i> 4 (3):E4814 (2009)
B.ES.09.P2149_3	GU362881	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
B.FR.08.DEMB08FR002	JX140654	France	Hora, B.	Unpublished
B.GE.03.03GEMZ004	DQ207940	Georgia	Zarandia, M.	<i>ARHR</i> 22 (5):470-476 (2006)
B.HT.05.05HT_129389	EU839602	Haiti	Nadai, Y.	<i>PLoS ONE</i> 4 (3):E4814 (2009)
B.JM.05.05JM_KJ108	EU839605	Jamaica	Nadai, Y.	<i>PLoS ONE</i> 4 (3):E4814 (2009)
B.JP.05.DR6538	AB287363	Japan	Sakamoto, Y.	Unpublished
B.KR.07.07KYY4	JQ341411	S. Korea	Cho, Y.-K.	<i>ARHR</i> 29 (4); 738-43 (2013)
B.NL.00.671_00T36	AY423387	Netherlands	Geels, M.J.	<i>J Virol</i> 77 (23):12430-12440 (2003)
B.PE.07.502_2649_wg8	JF320019	Peru	Rolland, M.	<i>Nat Med</i> 17 (3); 366-71 (2011)
B.PY.03.03PY_PSP0115	JN251906	Paraguay	Eyzaguirre, L.M.	Unpublished
B.RU.11.11RU21n	JX500708	Russia	Baryshev, P.B.	Unpublished
B.TH.07-AA040a_WG11	JX447156	Thailand	Rolland, M.	<i>Nature</i> 490 (7420); 417-20 (2012)

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.TT.01.TT_CRC50069	EU839608	Trinidad and Tobago	Nadai, Y.	<i>PLoS ONE</i> 4 (3):E4814 (2009)
B.TW.94.TWCYS_LM49	AF086817	Taiwan	Huang, L.-M.	Unpublished
B.UA.01.01UAKV167	DQ823362	Ukraine	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 22 (8):709-714 (2006)
B.US.11.ES38	JN397362	United States	Buckheit, R.W.3.	<i>Nat Commun</i> 3 , 716 (2012)
B.UY.02.02UY_TSU1290	JN235958	Uruguay	Eyzaguirre, L.M.	Unpublished
B.VE.10.DEMB10VE001	JX140659	Venezuela	Hora, B.	Unpublished
B.YE.02.02YE507	AY795904	Yemen	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
C.AR.01.ARG4006	AY563170	Argentina	Carrion, G.	<i>ARHR</i> 20 (9):1022-1025 (2004)
C.BR.07.DEMC07BR003	JX140663	Brazil	Hora, B.	Unpublished
C.BW.00.00BW07621	AF443088	Botswana	Novitsky, V.	<i>J Virol</i> 76 (11):5435-5451 (2002)
C.CN.98.YNRL9840	AY967806	China	Qiu, Z.	<i>ARHR</i> 21 (12):1051-1056 (2005)
C.CY.09.CY260	JF683803	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
C.ES.07.X2118_2	EU884500	Spain	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (1); 93-102 (2009)
C.ET.02.02ET_288	AY713417	Ethiopia	Brown, B.K.	<i>J Virol</i> 79 (10):6089-6101 (2005)
C.GE.03.03GEMZ033	DQ207941	Georgia	Zarandia, M.	<i>ARHR</i> 22 (5):470-476 (2006)
C.IL.98.98IS002	AF286233	Israel	Rodenburg, C.M.	<i>ARHR</i> 17 (2):161-168 (2001)
C.IN.03.D24	EF469243	India	Dash, P.K.	<i>Retrovirology</i> 5 (1):25 (2008)
C.KE.00.KER2010	AF457054	Kenya	Dowling, W.E.	<i>AIDS</i> 16 (13):1809-1820 (2002)
C.MM.99.mIDU101_3	AB097871	Myanmar	Takebe, Y.	<i>AIDS</i> 17 (14):2077-87 (2003)
C.MW.93.93MW_965	AY713413	Malawi	Brown, B.K.	<i>J Virol</i> 79 (10):6089-6101 (2005)
C.SN.90.90SE_364	AY713416	Senegal	Brown, B.K.	<i>J Virol</i> 79 (10):6089-6101 (2005)
C.SO.89.89SM_145	AY713415	Somalia	Brown, B.K.	<i>J Virol</i> 79 (10):6089-6101 (2005)
C.TZ.02.CO178	AY734556	Tanzania	Arroyo, M.A.	<i>AIDS</i> 19 (14):1517-1524 (2005)
C.US.98.98US_MSC3018	AY444800	United States	Tovanabutra, S.	<i>ARHR</i> 21 (5):424-429 (2005)
C.UY.01.TRA3011	AY563169	Uruguay	Carrion, G.	<i>ARHR</i> 20 (9):1022-1025 (2004)
C.YE.02.02YE511	AY795906	Yemen	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
C.ZA.10.DEMC10ZA001	JX140669	S. Africa	Hora, B.	Unpublished
C.ZM.02.02ZM108	AB254141	Zambia	Tatsumi, M.	Unpublished
D.CD.83.ELI	K03454	D.R.C.	Alizon, M.	<i>Cell</i> 46 (1):63-74 (1986)
D.CM.10.DEMD10CM009	JX140670	Cameroon	Hora, B.	Unpublished
D.CY.06.CY163	FJ388945	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 25 (8); 727-40 (2009)
D.KE.97.ML415_2	AY322189	Kenya	Fang, G.	<i>J Infect Dis</i> 190 (4):697-701 (2004)
D.KR.04.04KBH8	DQ054367	S. Korea	Cho, Y.-K.	<i>ARHR</i> 29 (4); 738-43 (2013)
D.SN.90.SE365	AB485648	Senegal	Takekawa, N.	Unpublished
D.TD.99.MN011	AJ488926	Chad	Vidal, N.	<i>JAIDS</i> 33 (2):239-246 (2003)
D.TZ.01.A280	AY253311	Tanzania	Arroyo, M.A.	<i>ARHR</i> 20 (8):895-901 (2004)
D.UG.08.p191859	JX236672	Uganda	Baalwa, J.	<i>Virology</i> 436 (1):33-48 (2013)
D.YE.02.02YE516	AY795907	Yemen	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
D.ZA.90.R1	EF633445	S. Africa	Jacobs, G.B.	<i>ARHR</i> 23 (12):1575-8 (2007)
F1.AO.06.AO_06_ANG125	FJ900269	Angola	Guimaraes, M.L.	<i>Retrovirology</i> 6 , 39 (2009)
F1.AR.02.ARE933	DQ189088	Argentina	Aulicino, P.C.	<i>ARHR</i> 21 (2):158-164 (2005)
F1.BE.93.VI850	AF077336	Belgium	Laukkonen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
F1.BR.07.07BR844	FJ771010	Brazil	Sanabani, S.S.	<i>Virol J</i> 2009 Jun 16;6:78
F1.CY.08.CY222	JF683771	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
F1.ES.11.DEMF110ES001	JX140671	Spain	Hora, B.	Unpublished
F1.FI.93.FIN9363	AF075703	Finland	Laukkonen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
F1.FR.96.FR_MP411	AJ249238	France	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
F1.RO.96.BCI_R07	AB485658	Romania	Takekawa, N.	Unpublished
F1.RU.08.D88_845	GQ290462	Russia	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (11):1187-1191 (2009)
F2.CM.10.DEMF210CM007	JX140673	Cameroon	Hora, B.	Unpublished

Name	Accession	Country	Author	Reference
F2.CM.97.CM53657	AF377956	Cameroon	Carr, J.K.	<i>Virology</i> 286 (1):168-181 (2001)
G.BE.96.DRCBL	AF084936	Belgium	Oelrichs, R.B.	<i>ARHR</i> 15 (6):585-589 (1999)
G.CM.10.DEMG10CM008	JX140676	Cameroon	Hora, B.	Unpublished
G.CN.08.GX_2084_08	JN106043	China	Li, L.	Unpublished
G.CU.99.Cu74	AY586547	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
G.ES.09.X2634_2	GU362882	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
G.GH.03.03GH175G	AB287004	Ghana	Takekawa, N.	Unpublished
G.KE.93.HH8793_12_1	AF061641	Kenya	Salminen, M.	<i>ARHR</i> 8 (9):1733-1742 (1992)
G.NG.09.09NG_SC62	JN248593	Nigeria	Charurat, M.	<i>J Infect Dis</i> 2012 Feb 21
G.PT.x.PT3306	FR846409	Portugal	Freitas, F.B.	<i>ARHR</i> 2012 Sep 25
G.SE.93.SE6165_G6165	AF061642	Sweden	Carr, J.K.	<i>Virology</i> 247 (1):22-31 (1998)
H.BE.93.VI991	AF190127	Belgium	Janssens, W.	<i>AIDS</i> 14 (11):1533-1543 (2000)
H.BE.93.VI997	AF190128	Belgium	Janssens, W.	<i>AIDS</i> 14 (11):1533-1543 (2000)
H.CF.90.056	AF005496	C.A.R.	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (7):5680-5698 (1998)
H.GB.00.00GBAC4001	FJ711703	United Kingdom	Holzmayer, V.	<i>ARHR</i> 25 (7):721-726 (2009)
J.CD.97.J_97DC_KTB147	EF614151	D.R.C.	Abecasis, A.B.	<i>J Virol</i> 81 (16):8543-8551 (2007)
J.CM.04.04CMU11421	GU237072	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 26 (6); 693-7 (2010)
J.SE.93.SE9280_7887	AF082394	Sweden	Laukkonen, T.	<i>ARHR</i> 15 (3):293-297 (1999)
J.SE.94.SE9173_7022	AF082395	Sweden	Laukkonen, T.	<i>ARHR</i> 15 (3):293-297 (1999)
K.CD.97.97ZR_EQTB11	AJ249235	D.R.C.	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
K.CM.96.96CM_MP535	AJ249239	Cameroon	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
01_AE.AF.07.569M	GQ477441	Afghanistan	Sanders-Buell, E.	<i>ARHR</i> 26 (5):605-608 (2010)
01_AE.CN.09.1119	HQ215553	China	Li, L.	<i>Infect Genet Evol</i> 2011 May 27
01_AE.HK.04.HK001	DQ234790	Hong Kong	Tsui, S.K.W.	Unpublished
01_AE.JP.x.DR0492	AB253423	Japan	Sakamoto, Y.	Unpublished
01_AE.TH.04.BKM	DQ314732	Thailand	Thitithanyanont, A.	Unpublished
01_AE.TH.09-AA111a_WG11	JX448059	Thailand	Rolland, M.	<i>Nature</i> 490 (7420); 417-20 (2012)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	Thailand	Carr, J.K.	<i>J Virol</i> 70 (9):5935-5943 (1996)
01_AE.VN.98.98VNND15	FJ185235	Viet Nam	Liao, H.	<i>Virology</i> 391 (1):51-56 (2009)
02_AG.CM.08.DE00208CM001	JX140646	Cameroon	Hora, B.	Unpublished
02_AG.ES.06.P1261	EU786671	Spain	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (1); 93-102 (2009)
02_AG.FR.91.DJ263	AF063223	France	Carr, J.K.	<i>Virology</i> 247 (1):22-31 (1998)
02_AG.GH.03.03GH181AG	AB286855	Ghana	Sakamoto, Y.	Unpublished
02_AG.LR.x.POCA4951	AB485636	Liberia	Takekawa, N.	Unpublished
02_AG.NG.x.IBNG	L39106	Nigeria	Howard, T.M.	<i>ARHR</i> 10 (12):1755-1757 (1994)
02_AG.SN.98.98SE_MP1211	AJ251056	Senegal	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 16 (6):603-609 (2000)
02_AG.US.06.502_2696_FL01	JF320297	United States	Rolland, M.	<i>Nat Med</i> 17 (3); 366-71 (2011)
02_AG.UZ.02.02UZ0683	AY829214	Uzbekistan	Carr, J.K.	<i>JAIDS</i> 39 (5):570-575 (2005)
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Russia	Liitsola, K.	<i>ARHR</i> 16 (11):1047-1053 (2000)
04_cpx.CY.94.94CY032_3	AF049337	Cyprus	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (12):10234-10241 (1998)
05_DF.BE.x.VI1310	AF193253	Belgium	Laukkonen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	Australia	Oelrichs, R.B.	<i>ARHR</i> 14 (16):1495-1500 (1998)
07_BC.CN.98.98CN009	AF286230	China	Rodenburg, C.M.	<i>ARHR</i> 17 (2):161-168 (2001)
08_BC.CN.06.nx2	HM067748	China	Miao, W.	Unpublished
09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	Ghana	McCutchan, F.E.	<i>ARHR</i> 20 (8):819-826 (2004)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	Tanzania	Koulinska, I.N.	<i>ARHR</i> 17 (5):423-431 (2001)
11_cpx.CM.95.95CM_1816	AF492624	Cameroon	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	Argentina	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
13_cpx.CM.96.96CM_1849	AF460972	Cameroon	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
14_BG.ES.05.X1870	FJ670522	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	Thailand	Viputtijul, K.	<i>ARHR</i> 18 (16):1235-1237 (2002)

Name	Accession	Country	Author	Reference
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	S. Korea	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
17_BF.AR.99.ARMA038	AY037281	Argentina	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
18_cpx.CU.99.CU76	AY586540	Cuba	Thomson, M.M.	<i>AIDS</i> 19 (11):1155-63 (2005)
19_cpx.CU.99.CU7	AY894994	Cuba	Casado, G.	<i>JAIDS</i> 40 (5):532-537 (2005)
20_BG.CU.99.Cu103	AY586545	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
21_A2D.KE.99.KER2003	AF457051	Kenya	Dowling, W.E.	<i>AIDS</i> 16 (13):1809-1820 (2002)
22_01A1.CM.01.01CM_0001BBY	AY371159	Cameroon	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
23_BG.CU.03.CB118	AY900571	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
24_BG.ES.08.X2456_2	FJ670526	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9): 1019-25 (2010)
25_cpx.CM.02.1918LE	AY371169	Cameroon	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
26_AU.CD.02.02CD_MBTB047	FM877782	D.R.C.	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 25 (8):823-832 (2009)
27_cpx.FR.04.04CD_FR_KZS	AM851091	France	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 24 (2):315-321 (2008)
28_BF.BR.99.BREPM12609	DQ085873	Brazil	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
29_BF.BR.01.BREPM16704	DQ085876	Brazil	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
31_BC.BR.04.04BR142	AY727527	Brazil	Sanabani, S.	<i>ARHR</i> 22 (2):171-176 (2006)
32_06A1.EE.01.EE0369	AY535660	Estonia	Adojaan, M.	<i>JAIDS</i> 39 (5):598-605 (2005)
33_01B.ID.07.JKT189_C	AB547463	Indonesia	SahBandar, I.N.	<i>ARHR</i> 2010 Oct 19
34_01B.TH.99.OUR2478P	EF165541	Thailand	Tovanabutra, S.	<i>ARHR</i> 23 (6):829-833 (2007)
35_AD.AF.07.169H	GQ477446	Afghanistan	Sanders-Buell, E.	<i>ARHR</i> 26 (5):605-608 (2010)
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	EF087994	Cameroon	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (8):1008-1019 (2007)
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	EF116594	Cameroon	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (7):923-933 (2007)
38_BF1.UY.03.UY03_3389	FJ213783	Uruguay	Ruchansky, D.	<i>ARHR</i> 25 (3): 351-6 (2009)
39_BF.BR.04.04BRRJ179	EU735535	Brazil	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
40_BF.BR.05.05BRRJ055	EU735537	Brazil	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
42_BFLU.03.luBF_05_03	EU170155	Luxembourg	Struck, D.	Unpublished
43_02G.SA.03.J11223	EU697904	Saudi Arabia	Badreddine, S.	<i>ARHR</i> 23 (5):667-674 (2007)
44_BF.CL.00.CH80	FJ358521	Chile	Delgado, E.	<i>ARHR</i> 26 (7): 821-6 (2010)
45_cpx.FR.04.04FR_AUK	EU448295	France	Frange, P.	<i>Retrovirology</i> 2008 Aug 1;5:69
46_BF.BR.07.07BR_FPS625	HM026456	Brazil	Sanabani, S.S.	<i>Virol J</i> 2010 Apr 16;7:74
47_BF.ES.08.P1942	GQ372987	Spain	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 26 (7): 827-32 (2010)
48_01B.MY.07.07MYKT021	GQ175883	Malaysia	Li, Y.	<i>JAIDS</i> 54 (2):129-136 (2010)
49_cpx.GM.03.N26677	HQ385479	Gambia	de Silva, T.I.	<i>Retrovirology</i> 7 (1):82 (2010)
51_01B.SG.11.11SG_HM021	JN029801	Singapore	Ng, O.T.	<i>ARHR</i> 2011 Sep 23
52_01B.MY.03.03MYKL018_1	DQ366664	Malaysia	Tee, K.K.	<i>JAIDS</i> 43 (5):523-529 (2006)
53_01B.MY.11.11FIR164	JX390610	Malaysia	Chow, W.Z.	<i>J Virol</i> 86 (20):11398-11399 (2012)
54_01B.MY.09.09MYSB023	JX390976	Malaysia	Ng, K.T.	<i>J Virol</i> 86 (20):11405-11406 (2012)
55_01B.CN.10.HNCS102056	JX574661	China	Han, X.	<i>Genome Announc</i> 1 (1):E00050-12 (2013)
O.BE.87.ANT70	L20587	Belgium	Vanden Haesevelde, M.	<i>J Virol</i> 68 (3):1586-1596 (1994)
O.CM.91.MVP5180	L20571	Cameroon	Gurtler, L.G.	<i>J Virol</i> 68 (3):1581-1585 (1994)
O.CM.98.98CMA104	AY169802	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.FR.92.VAU	AF407418	France	Vartanian, J.P.	<i>J Gen Virol</i> 83 (Pt 4):801-805 (2002)
O.SN.99.99SE_MP1299	AJ302646	Senegal	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 17 (12):1211-1216 (2001)
O.US.10.LTNP	JN571034	United States	Buckheit, R.W. III	Unpublished
O.US.97.97US08692A	AY169805	United States	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
N.CM.02.DJO0131	AY532635	Cameroon	Bodelle, P.	<i>ARHR</i> 20 (8):902-908 (2004)
N.CM.04.04CM_1015_04	DQ017382	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
N.CM.06.U14842	GQ324958	Cameroon	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
N.CM.95.YBF30	AJ006022	Cameroon	Simon, F.	<i>Nat Med</i> 4 (9):1032-1037 (1998)
N.CM.97.YBF106	AJ271370	Cameroon	Roques, P.	<i>AIDS</i> 18 (10):1371-1381 (2004)

Sequences

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Name	Accession	Country	Author	Reference
N.FR.11.N1_FR_2011	JN572926	France	Delaugerre, C.	<i>Lancet</i> 378 (9806); 1894 (2011)
P.CM.06.U14788	HQ179987	Cameroon	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3); 1403-7 (2011)
P.FR.09.RBF168	GU111555	France	Plantier, J.-C.	<i>Nat Med</i> 15 (8); 871-2 (2009)
CPZ.CD.06.BF1167	JQ866001	D.R.C.	Li, Y.	<i>J Virol</i> 86 (19):10776-10791 (2012)
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	DQ373066	Cameroon	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	Gabon	Huet, T.	<i>Nature</i> 345 (6273):356-359 (1990)
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	JQ768416	Tanzania	Takehisa, J.	Unpublished
CPZ.US.85.US_Marilyn	AF103818	United States	Gao, F.	<i>Nature</i> 397 (6718):436-441 (1999)

HV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	5' LTR U3 start	.TGGAAAGGGCTAATTCACTCCAA...CGAAGACAAGATATCCTGATCTGTGGATCTACCACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAAC...TACACACCAGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTGGATGGCTAACAGCTAGTACCGTTGAGCCAGA	163
G.PT.x.PT306	.G.S.93.S6165_G6165	..CT---TC-T-----G-----T-A-----A-G-T-----	0
H.BE.93.VI1991			0
H.BE.93.VI1997			0
H.CF.90.056			0
H.GB.00.00GBAC4001			0
J.CD.97.J.97DC_KTB147			0
J.CM.04.04CMU11421			0
J.SE.93.SE9280_7887			0
J.SE.94.SE9173_7022			0
K.CD.97.97ZR_EQTB11			0
K.CM.96.96CM_MP535			0
01.AE_AF.07.569M			0
01.AE_CN.09.1119			0
01.AE_HK.04.HK001			0
01.AE_JP.x.DR0492			0
01.AE_TH.04.BKM			0
01.AE.TH.09.AA111a_WG11			0
01.AE.TH.90.CM240			0
01.AE.VN.98.98VNNND15			0
02.AG_CM.08.DE00208CM001			0
02.AG_ES.06.P1261			0
02.AG_FR.91.DJ263			0
02.AG_GN.01.98GH181AG			0
02.AG_LR.x.P004951			0
02.AG_NC.18.NBG			0
02.AG_SN.98.98SE_MP1211			0
02.AG_US.06.502_2696_FL01			0
02.AG_UZ.02.02UZ0683			0
03.AR.RU.97.KAL153_2			0
04.cpx.CY.94.94CY032_3			0
05.DF.BE.x.VI1310			0
06.cpx.AU.96.BFP90			0
07.BC.CN.98.98CN009			0
08.BC.CN.06.nx2			0
09.cpx.GH.96.96GH2911			0
10.CD.TZ.96.98BF.BF061			0
11.cpx.CU.95.95CM_1816			0
12.B.AR.93.AR0153			0
13.CDX.CN.96.96CM_1849			0
14.BG_ES.05.X1870			0
15.01B.TH.99.99TH_MU2079			0
16.A2D.KR.97.97KR004			0
17.BF.AR.99.ARMA038			0
18.cpx.CU.99.CU76			0
19.cpx.CU.99.CU7			0
20.BG.CU.99.Cu103			0
21.A2D.KE.99.KER2003			0
22.01A1.CM.01.01CM_0001BBY			0
23.BG.CU.03.CB118			0
24.BG_ES.08.X2456_2			0
25.CDX.CM.02.19181BLE			0
26.AU.CM.01.02MBTB047			0
27.BF.FR.04.04CD.FR.KZS			0
28.BF_BR.99.BREPM12609			0
29.BF_BR.01.BREPM16704			0
31.BC.BR.04.04BR142			0
32.06A1.EE.01.EE0369			0
33.01B.ID.07.JKT1189_C			0
34.01B.TH.99.OUR2478P			0
35.AD.AF.07.169H			0
36.cpx.CM.00.00CMNYU830			0
37.cpx.CM.00.00CMNYU926			0
38.BF1.UY.03.UY03_3389			0
39.BF.BR.04.04BRRJ179			0
40.BF.BR.05.05BRRJ055			0
42.BF.LL.03.LUBR.05.03			0
43.BG_SA.03.031223			0
44.BF.00.CH00			0
45.CDX.FR.04.04FR_AUK			0
46.BF_BR.07.07BR_FPS625			0
47.BF_ES.08.P1942			0
48.01B.MY.07.07MYKT021			0
49.cpx.GM.03.N26677			0
51.01B.SG.11.11SG_HM021			0
52.01B.MY.03.03MYKL018_1			0
53.01B.MY.11.11FIR164			0
54.01B.MY.09.09MYSB023			0
55.01B.CN.10.HNCS102056			0
0.BE.87.ANT70			0
0.CM.91.MVP5180			0
0.CM.98.98CMCA104			0
0.FR.92.VAU			0
0.SN.99.99SE_MP1299			0
0.US.10.LTNF			0
0.US.97.97US98692A			0
N.CM.02.DJ008131			0
N.CM.04.04CM_1015_04			0
N.CM.06.U14842			0
N.CM.95.YBF349			0
N.CM.97.YBF166			0
N.FR.11.N1.FR.2011			0
P.CM.06.U14788			0
P.FR.09.RBF168			0
CPZ_CD.06.BF1167			0
CPZ_CM.05.SIVCpMT145			0
CPZ_GA.88.GAB1			0
CPZ_YZ.06.SIVCpTAN13			0
CPZ_US.85.US_Marilyn			0
CPZ_US.85.US_CACAGA			0

		TCF-1 alpha	
B.FR.83.HXB2	GAAGTTAGAAGAA...GCCAACAAAGGAGAGAACACCACTTGTACCCCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTGACAGCCGCTAGCATTCATCACATGGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAGAACTGCT	330	
A1.AU.03.PS1044 Day0	0	
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	0	
A1.EU.06.X2110	0	
A1.EU.02.60KEst_001	T-A-G---G-CGGG-A-C-A-A-T-AA-Y-TGAT-A-A-AT-A-T-G-TC-AA-G-GA-A-A-A-T-A-A-	332	
A1.RU.11.1IRU6950	0	
A1.RW.07.pR463F	-G-AG---GA-G-T-CTG-G---G-A-C-A-CAT-AA-TGA-AG-ACA-C-A-TA-A-A-A-T-AC-T-A-AG-	330	
A1.SE.95.SE8538	0	
A1.TZ.01.A341	0	
A1.UA.01.01UADN139	0	
A1.UG.07.p191845	TG-AG---GA-T-TG-G-A-TC-A-GA-AT-AA-TGA-A-A-C-A-G-C-GACA-T-A-AAA-A-T-A-AG-	330	
A1.ZA.04.04ZASK162B1	0	
A2.CD.97.97CDKTB48	0	
A2.CM.01.01CM.1445MV	0	
A2.CY.94.94CY017_41	0	
B.AR.04.04AR14317	0	
B.AU.04.PS1038 Day174	0	
B.BG.09.DEMB09BG0061	0	
B.BR.09.09BR09	0	
B.CA.09.1191_03	0	
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408	0	
B.CN.10.DEMB10CN002	0	
B.CO.01.PCM001	0	
B.CU.99.Cu19	0	
B.CY.99.CY266	0	
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	0	
B.DK.07.PMVL 011	0	
B.DO.05.05DO 160884	0	
B.ES.09.P2149_3	0	
B.FR.08.DEMB08FR002	0	
B.GE.03.03GEM004	0	
B.H1.05.05HT 129389	0	
B.JP.05.05JMJJ108	0	
B.KR.07.07KRY4	-C-G---G-G-T-A-T-C-A-G-A-A-T-A-C-A-AA-TT-A-AG-	331	
B.NL.00.671_00T36	0	
B.PE.07.502_2649_w08	0	
B.PY.03.03PY PSP0115	0	
B.RU.11.1IRU21n	0	
B.TH.07.AA040a_WG11	0	
B.TT.01.01TT CRC5069	0	
B.TW.94.TWCYS LM49	-C-G-G---A-G-TG-AMT-C-A-A-A-G-A-G-T-A-AC-G-GA-A-A-Y-	330	
B.UA.01.01UAKV167	0	
B.US.01.01.E538	0	
B.US.02.02UY TSU1290	T-A-G-C-A-T-C-A-A-A-G-A-A-TA-A-A-C-G-A-A-	253	
B.VE.10.DEMB10VE001	0	
B.YE.02.02YE507	0	
C.AR.01.ARG4006	0	
C.BR.01.DEMC07BR003	0	
C.CU.00.00BW07621	0	
C.CN.99.10099840	0	
C.CY.99.CY266	0	
C.ES.07.X2118_2	0	
C.ET.02.02ET 288	0	
C.GE.03.03GEM2033	0	
C.IL.98.98IS002	-G-G---G-C-G-AC-A-T-T-C-T-A-G-TGAAC-TG-C-A-A-A-TC-CGAGA-C-C-A-ACA-TT-A-AG-	330	
C.IN.03.D24	0	
C.KE.00.KER2010	0	
C.MM.99.mIDU101_3	0	
C.MW.93.93MW 965	0	
C.SN.90.90SE 364	0	
C.SO.89.89SM 145	0	
C.TZ.02.02TZ 001	0	
C.US.98.98US MSC3018	0	
C.VE.02.02VE011	0	
C.ZA.10.DEMC10ZA001	0	
C.ZM.02.02ZM108	-G-A-G-A-T-GT-G-A-T-T-C-C-A-A-TGAAC-C-A-A-A-T-T-CGAGA-C-A-T-A-AG-	330	
D.CD.83.ELT	0	
D.CM.10.DEMD10CM009	0	
D.CY.06.CY163	0	
D.KE.07.ML415_2	0	
D.KR.04.04KBHB	-G-G---G-TG-A-T-C-A-A-A-G-C-C-A-A-AAA-G-A-T-A-AT-TT-A-AG-	287	
D.SN.90.SE365	-G-G---G-CTG-A-AG-A-T-C-A-T-A-A-G-GA-C-C-T-A-A-A-AAA-G-A-T-A-A-A-T-A-AG-	330	
D.TD.99.MN011	0	
D.TZ.01.A280	0	
D.UG.08.p191859	-G-TG---T-G-AA-CITG-A-T-C-A-A-C-A-T-A-A-A-G-G-A-A-AA-AC-AA-T-AT-AG-	330	
D.YE.02.02YE516	0	
D.ZA.90.R1	0	
F1.AO.06.A0.06.ANG125	0	
F1.AR.02.ARE933	0	
F1.BE.93.VI850	0	
F1.BR.07.07BR844	0	
F1.CY.08.CY222	0	
F1.EU.01.01EU5001	0	
F1.FN.93.FIN9363	0	
F1.FR.96.96FR MP411	0	
F1.RO.96.BCI707	-G-G---A-GGCT.AATGA-GGA-AT-ACTGTTACTAC-C-A-A-CCAACATGGAATGGAAGATGAAGAC-AGTACTGA-T-GCA-G-A-A-TGAA-A-AGA-T-A-C-A-GA-	327	
F1.RU.08.D88_845	0	
F2.CM.10.DEMF210CM007	0	
F2.CM.97.CM53657	AG-G-G-G-T-A-TC-A-CA-CT-A-G-GAA-C-C-G-T-AA-TA-CGGAGA-A-A-A-AG-	292	
G.BE.96.DRCBL	0	
G.CM.10.DEMC10CM008	0	
G.CN.08.GX_2084_08	0	
G.CU.99.Cu74	0	
G.ES.09.X2634_2	0	
G.GH.03.03GH175G	AG-G-G-G-T-A-C-A-TC-C-CA-CT-A-A-G-TGAA-C-A-C-G-TA-A-TA-CGGAGA-TC-T-A-	330	
G.KE.93.HH8793_12_1	0	
G.NG.09.09NG_SC62	0	

	TCF-1 alpha	
B.FR.83.HXB2		
G.PT.8.X.PT3306	GAAGTTAGAAGAA...GCCAACAAAGGAGAGAACACCACTGTTACACCCGTGAGCTGCATGGATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGACTGGAGGTTGACAGCCGCTAGCATTCATCACATGGCCGAGAGCTGCATCCGGACTTCAAGAACGTG	330
G.SE.93.S6165_G6165	AG-A-----A-CT-----A-T-A-----CA-CT-A-----G-G-TG-A-C-----G-C-G-TA-----A-TA-----CGGAGA-----A-G-----T-T-A-AG-----0	246
H.BE.93.VI991		0
H.BE.93.VI997		0
H.CF.90.056		0
H.GB.90.00GBAC4001		0
J.CD.97.J.97DC_KTB147		0
J.CM.04.04CMU1421		0
J.SE.93.SE9288_7887		0
J.SE.94.SE9173_7622		0
K.CD.97.97ZR_EQTB11		0
K.CM.96.96CM_MP535		0
01 AE_AF.07.569N		0
01 AE_CN.09.1119		0
01 AE_HK.04.HK001		0
01 AE_JP.04.DR0492	AG-AG---G-G-AA-----A-G-T-C-----CA-A-A-----A-G-GAA-T-----C-GAT-A-----TC-----CGAAGA-A-----AAA-C-A-I-AT-AG-----330	330
01 AE_TH.04.BMT1	AG-AG---G-G-A-----A-G-C-----CA-A-A-----A-G-GAA-A-----C-GAT-A-----TG-----CGAAGA-A-----AA-C-A-I-AT-A-----275	275
01 AE_TH.04.1111a_WG11		0
01 AE_VI.98.CM240		0
01 AE_VI.98.98VNN15		0
02 AG_CM.08.DE00208CM001		0
02 AG_ES.06.P1261		0
02 AG_FR.91.D1263		0
02 AG_GH.03.03GH181AG	A-CAG---G-----CTG-----G-T-A-----CA-C-T-AA-----A-G-GAA-C-----C-G-TC-A-----TTA-G-AGA-C-A-TA-----AAA-C-----T-A-AG-----T-----330	330
02 AG_LR.x.POC44951	AG-G-----G-----T-----A-T-A-----CA-CT-T-A-----A-G-A-C-C-----C-G-TC-A-----A-----A-G-C-CA-A-AA-T-A-----T-A-AG-----330	330
02 AG_NG.x.IBNG		0
02 AG_SN.98.98SE_MP1211		0
02 AG_US.06.592_2696_FL01		0
02 AG_UZ.02.02UZ0683		0
03 AB_RU.97.KA153_2		0
04 CPX_CY.94.04C032_3		0
05 CPX_BN.94.VII310		0
06 CPX_AU.06.BFP90	G-G-----CTT-CT-----A-T-C-----CA-AT-A-----GCA-G-TGAA-A-----A-A-----TC-----AGGAGA-A-----AAA-T-A-AG-----330	330
07 BC_CN.98.98CN009	G-G-----G-----G-G-----AG-A-T-C-----CT-----G-TAAC-----A-----A-----AA-----ACAGA-TG-C-A-----T-A-----330	291
08 BC_CN.06.nx2		0
09 CPX_GH.96.96GH2911		0
10 CD_TZ.96.96TZ_BF061		0
11 CPX_CM.95.95CM_1816		0
12 BF_AR.99.ARMA159	G-G-----A-G-----TG-----A-T-C-----CA-AA-----A-TGAA-C-----AC-GATA-A-----G-GC-AAGA-T-A-A-----AAA-A-GG-AT-AG-----327	327
13 CPX_CM.96.96CM_1849		0
14 BG_ES.05.X1870		0
15 01B.TH.99.99TH_MU2079		0
16 A2D.KR.97.97KR004		0
17 BF_AR.98.ARMA038		0
18 CPX_CU.99.CU76		0
19 CPX_CU.99.CU76		0
20 BG_CU.99.CU103		0
21 A2D.KE.99.KER2003		0
22 01A1_CM.01.01CM_0001BBY		0
23 BG_CU.03.CB118		0
24 BG_ES.08.X2456_2		0
25 CPX_CM.02.1918L		0
26 AU_CD.02.02CD_MBTB047	TG-G-----T-T-G-----A-A-C-AC-G-TG-A-----A-----G-TAGT-AG-----C-CAT-A-----T-AA-CGGA-G-CA-C-----T-A-AG-----330	330
27 CPX_FR.04.04CD_FR_KZS	-G-G-----G-----TG-A-----A-C-C-T-A-----G-GAA-A-----AT-A-----T-----C-AAGA-TG-A-----AAA-T-A-AG-----330	330
28 BF_BR.99.BREPM12609		0
29 BF_BR.01.BREPM16704		0
31 BC_BR.04.04BR142		0
32 66A1_EE.01.EE0369		0
33 01B.ID.01.01ID_01		0
34 01B.TH.99.OUR2478P		0
35 AD_AF.07.169H		0
36 CPX_CM.00.00CMNYU830		0
37 CPX_CM.00.00CMNYU926		0
38 BF1_IY.03.IY03_3389		0
39 BF_BR.04.04BRRIJ179		0
40 BF_BR.05.05BRRJ055		0
42 BF_LU.03.LUBR_05_03		0
43 02G_SA.03.J11223		0
44 BF_CL.09.CH80		0
45 CPX_FR.04.04FR_AUK	G-G-----G-----CTG-----TT-T-----A-A-AA-----A-G-A-A-A-----C-ATA-A-----T-A-CAAAGA-T-A-AAA-----T-A-AG-----330	330
46 BF_ES.08.08_012		0
48 01B.TH.97.67MYKT021		0
49 CPX_GM.03.N26677		0
51 01B_SC.11.115G_HM021		0
52 01B_MY.03.03MKL018_1		0
53 01B_MY.11.11FIR164		0
54 01B_MY.09.09MYSB023		0
55 01B_CN.10.HNC5102056		0
0.BE.87.ANT70	AG-GC---AG-CTA-GAG-T-C-T-T-----GGG-T-ATC-CC-G-T-A-CAT-TGCC-----T-T-A-TA-AC-T-A-----A-AC-GAT-----A-T-ATCT-GCAACACC-TG-T-TATGATAACT-C-A-CT-C-GGA-----333	333
0.CM.91.MVP5180	AG-GC---GAG-CTG-GT-T-C-AAT-----AG-TG-T-TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G-TG-AC-CG-G-GA-AC-A-A-C-----T-ATCAT-GC-AACA-T-A-TGCAAA-C-A-CT-CCC-G-----330	330
0.CM.98.98CMCA104		0
0.FR.92.VAU		0
0.SN.99.99SE_MP1299		0
0.US.10.LTNP	TG-GC---G-AG-CTA-GA-T-C-T-T-----GGG-T-ATC-CC-G-T-A-CAT-TGCC-----CTCT-A-AACCGC-GC-A-AC-GA-A-C-----T-ATCA-GCAGCACCTG-T-TATG-TAACCA-C-A-CT-T-C-GGA-----333	333
0.US.97.97US08692A	-G-GC---AG-CTA-GA-T-C-T-T-----GGG-T-ATC-CC-G-T-A-CAT-TGCC-----CTCT-T-AAC-TG-G-C-AC-GAT-----A-T-ATCT-GCAACACC-TG-T-TAGATAACT-C-A-CT-C-GGA-----253	253
N.CM.02.DJ00131		0
N.CM.94.04CM_1015_04		0
N.CM.06.U14842		0
N.CM.95.YBF30		0
N.CM.97.YBF106		0
N.FR.11.N1.FR.2011		0
P.CM.06.U14788		0
P.FR.09.RPFI168	AG-GA-T-G---ATG-GAG-TG-GCAG-----AG-T-AGC-C-T-A-CTT-ACCT-----GGATTCA-T-ATC-T-G-GA-C-AT-----A-----ATCA-G-GAAAGA-TG-T-TT-C-AAA-C-----ACTG-T-CT-AGA-----333	333
CPZ_CD.06.BF1167	AG-A---G-----T-A-GG-ATCTAC-CA-G-----CTT-TCT-----GA-----TA-TG-----C-G-TA-----A-----TCTGAA-G-TAGAAGA-A-A-AGA-----A-----309	309
CPZ_CD.05.SIVcpzMT145		0
CPZ_GA.88.GAB1	C-G-C-C-----TG-----T-A-T-C-C-----G-T-CAT-T-A-----G-----A-TGAAC-C-----C-A-G-C-G-TC-C-C-----A-G-G-C-AAGA-T-T-A-A-AA-----A-A-AG-----327	327
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	-G-AG---GCGG-----T-----C-A-TAC-C-G-----CA-T-A-----A-TGAAC-TG-C-----C-ATC-CA-----CTGAA-G-TCGGAGA-G-TAA-----A-----CG-----A-----330	330
CPZ_US.85.US_Marilyn		0

		NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA Box	
B.FR.83.HXB2	GACATCGAG.....	CTTGCTACAAGG.....	GACTTCC.GCTGGGGACTTTCC..	AGGGAGGCCTGGCCTGGCGGACTGGGAGTGGCGAGGCCCTAGATCCTGCATAAGCAGCTGTTTTGC	446			
A1.AU.03.PS1044 Day0	0
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	0
A1.ES.96.X2110	-CA-----	.CTGCTGACACAGAA.....	A----GAC----	-GAC-T-.CGC-----	AGG----T---TT-----	-AGT-----	T-A-----G-----	C-----
A1.ES.02.60KEst 001	461
A1.RU.11.11RU6950	0
A1.RW.07.pR463F	0
A1.SE.95.SE8538	0
A1.TZ.01.A341	0
A1.UA.01.01UADN139	0
A1.UG.07.p191845	-CA-----	.CTGCTGACACAGAA.....	G----GAC----	AG----T---TT-----	-AGT-----	T-A-----G-----
A1.ZA.04.04ZASK162B1	0
A2.CD.97.97DKTB848	0
A2.CM.01.01CM 1445MV	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
B.AR.04.04AR143174	0
B.AU.04.PS1038 Day174	0
B.BG.09.DEMB09BG0061	0
B.BR.09.09BR09	0
B.CA.09.1191_03	0
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408	0
B.CN.10.DEMB10CN002	0
B.CO.01.PCM001	0
B.CU.99.Cu19	13
B.CY.99.CY266	0
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131	0
B.DK.07.PMVL 011	0
B.DO.05.05D0 160884	0
B.ES.09.P2149_3	0
B.FR.08.DEMB08FR002	0
B.GE.03.03GEM004	0
B.H1.05.05HT 129389	0
B.JP.05.05JM001J108	0
B.KR.07.07KVY4	448
B.NL.00.671_00T36	110
B.PE.07.502_2649 w08	0
B.PY.03.03PY PSP0115	0
B.RU.11.11RU21n	0
B.TH.07.AA040a WG11	0
B.TT.01.01TT CRC50669	0
B.TW.94.TWCYS LM49	0
B.UA.01.01UAKV167	-Y----	445
B.US.11.ES38	0
B.US.02.02UY TSU1290	-CT--	370
B.VE.10.DEMB10VE001	0
B.YE.02.02YE507	0
C.AR.01.ARGA006	0
C.BR.01.DEMC07BR003	0
C.CU.00.00BW07621	0
C.CN.99.10009840	0
C.CY.99.CY266	0
C.ES.07.X2118_2	0
C.ET.02.02ET 288	0
C.GE.03.03GEM2033	0
C.IL.98.98IS002	0
C.IN.03.D24	-T-CA--AGGGACTT.....	468
C.KE.00.KER2010_3	0
C.MM.99.MIDU101_3	0
C.MV.93.93MW 965	0
C.SN.90.90SE 364	0
C.SO.89.89SM 145	0
C.TZ.02.02TZ001	0
C.US.98.98US MSC3018	0
C.YE.02.02YE0011	0
C.ZA.10.DEMC10ZA001	0
C.ZM.02.02ZM108	-CA--AGGGA.....	446
D.CD.02.ELT	0
D.CM.10.DEMD10CM009	0
D.CY.06.CY163	0
D.KE.07.ML415_2	0
D.KR.04.04KBHB	0
D.SN.90.SE365	0
D.TD.99.MN011	0
D.TZ.01.A280	0
D.UG.08.p191859	-CT.GAG.....	464
D.YE.02.02YE516	0
D.ZA.90.R1	0
F1.A0.06.A0.06 ANG125	0
F1.AR.02.ARE933	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.07.07BR844	0
F1.CY.08.CY222	0
F1.ES.01.01ES05001	0
F1.FN.93.FIN9363	0
F1.FR.96.96FR MP411	0
F1.RO.96.BCI R07	0
F1.RU.08.D88 845	0
F2.CM.10.DEMF210CM007	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	0
G.CM.18.DEMG10CM008	0
G.CN.08.GX_2084_08	0
G.CU.99.CU74	0
G.ES.69.X2634_2	0
G.GH.03.03GH175G	-CA--AGGTGTTGA.....	469
G.KE.93.HH8793_12_1	0
G.NG.09.09NG_SC62	0

	+1 mRNA start site	TAR element start	TAR element end	Poly-A signal	5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	Extensive secondary structure	
B.FR.83.HXB2								607
A1.AU.03.PS1404 Day0								0
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538								0
A1.EG.96.X2110								0
A1.ES.02.60000								0
A1.KE.06.06KEst_001								621
A1.RU.11.11RU6950								152
A1.RW.07.pR463F	T							AC 607
A1.SE.95.SE8538								0
A1.TZ.01.A341								0
A1.UA.01.01UADN139								0
A1.UG.07.p191845	T							629
A1.ZA.04.04ZASK162B1								41
A2.CD.97.97CDKT848								0
A2.CM.01.01CM.1445MV								0
A2.CY.94.94CY017_41								0
B.AR.04.04AR143174								0
B.AU.04.PS1038 Day174								0
B.BG.09.DEMB09BG0061								0
B.BR.09.09BR09								0
B.CA.07.1191_03								17
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408								26
B.CN.10.DEMB10CN002								0
B.CO.01.PCM001								0
B.CU.99.Cu19								174
B.CY.09.CY266								0
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131								0
B.DK.07.PMVL 011								0
B.DO.05.05DO_160884								0
B.ES.09.P2149_3								0
B.FR.08.DEMB08FR002								63
B.GE.03.03GEM004								0
B.H1.05.05HT_129389								0
B.JP.05.05JMJJ108								0
B.KR.07.07KRY4	A							609
B.NL.00.671_00T36								129
B.PE.07.502_2649_w08								20
B.PY.03.03PY_PSP0115								0
B.RU.11.11RU21n								152
B.TH.07.AA040a_WG11								0
B.TT.01.01TT_CRC50069								0
B.TW.94.TWCYS_LM49								606
B.UA.01.01UAKV167	C							0
B.US.11.ES38								531
B.UY.02.02UY_TSU1290								0
B.VE.10.DEMB10VE001								0
B.YE.02.02YE507								0
C.AR.01.ARGA006								0
C.BR.01.DEMC07BR003								0
C.CU.00.00BW07621								0
C.CN.99.10099840								0
C.CY.09.CY266								0
C.ES.07.X2118_2								49
C.ET.02.02ET_288								0
C.GE.03.03GEM2033								0
C.IL.98.98IS002								0
C.IN.03.D24								629
C.KE.00.KER2010								0
C.MM.99.mIDU101_3								0
C.MW.93.93MW_965								0
C.SN.90.90SE_364								0
C.SO.89.89SM_145								0
C.TZ.02.02TZ								0
C.US.98.98US_MSC3018								0
C.VE.02.02VE011								0
C.YE.02.02YE511								0
C.ZA.10.DEMC10ZA001								0
C.ZM.02.02ZM108	T							607
D.CD.03.ELT								153
D.CM.10.DEMD10CM009								0
D.CY.06.CY163								0
D.KE.07.ML415_2								75
D.KR.04.04KBHB								564
D.SN.90.SE365								606
D.TD.99.MN011								0
D.TZ.01.A280								0
D.UG.08.p191859								625
D.YE.02.02YE516								0
D.ZA.90.R1								0
F1.AO.06.A0_06.ANG125								0
F1.AR.02.ARE933								0
F1.BE.93.VI1850								0
F1.BR.07.07BR844								373
F1.CY.08.CY222								0
F1.ES.07.07ES05001								0
F1.FI.93.FIN9363								0
F1.FR.96.96FR_MP411								0
F1.RO.96.BCI_R07	T							650
F1.RU.08.D88_845								64
F2.CM.10.DEMF210CM007								0
F2.CM.97.CM53657								0
G.BE.96.DRCBL								573
G.CM.10.DEMG10CM008								0
G.CN.08.GX_2084_08								0
G.CU.99.Cu74								201
G.ES.09.X2634_2								64
G.GH.03.03GH175G								630
G.KE.93.HH8793_12_1								0
G.NG.09.09NG_SC62								0

	Lys tRNA primer binding site	Packaging loops begin	
B.FR.83.HXB2	TTTAGTCAGTGTGG.AAAATCTAGCAGTGGCGCCGAAACAGGGACC.TGAAAGCGAAAG.	GGAAACAGAGG...AGCTCTCTGCAC.GCA...GGACTGGCTGCTG....AAGCGC..GCACGGAAGGGCGAGGGC...G	736
A1.AU.03.PS1044 Day0	0
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	0
A1.ES.06.X2110	0
A1.RW.02.600Kest 001	0
A1.RU.11.11RU6950	0
A1.RW.07.pR463F	0
A1.SE.95.SE8538	0
A1.TZ.01.A341	0
A1.UA.01.01UADN139	0
A1.UG.07.p191845	0
A1.ZA.04.04ZASK162B1	0
A2.CD.97.97DKTB48	0
A2.CM.01.01CM 1445MV	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
B.AR.04.04AR143174	0
B.AU.04.PS1038 Day174	0
B.BG.09.DEMB09B0061	0
B.BR.09.09BR09	0
B.CA.03.1191_03	0
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408	0
B.CN.10.DEMB10CN002	0
B.CO.01.PCM001	0
B.CU.99.Cu19	0
B.CY.09.CY266	0
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	0
B.DK.07.PMVL 011	0
B.DO.05.05DO 160884	0
B.ES.09.P2149_3	0
B.FR.08.DEMB08FR002	0
B.GE.03.03GEM004	0
B.H1.05.05HT 129389	0
B.JP.05.05JM10J108	0
B.KR.07.07KRY4	0
B.NL.00.671_00T36	0
B.PE.07.502_2649 w08	0
B.PY.03.03PY PSP0115	0
B.RU.11.11RU21n	0
B.TH.07.AA040a WG11	0
B.TT.01.01TT CRC5069	0
B.TW.94.TWCYS LM49	0
B.UA.01.01UAKV167	0
B.US.11.ES38	0
B.UY.02.02UY TSU1290	0
B.VE.10.DEMB10VE001	0
B.YE.02.02YE507	0
C.AR.01.ARGA006	0
C.BR.07.DEMC07BR003	0
C.CU.60.00BW07621	0
C.CN.99.1009840	0
C.CY.09.CY266	0
C.ES.07.X2118_2	0
C.ET.02.02ET 288	0
C.GE.03.03GEM2033	0
C.IL.98.98IS002	0
C.IN.03.D24	0
C.KE.00.KER2010	0
C.MM.99.mIDU101_3	0
C.MV.93.93MW 965	0
C.SN.90.90SE 364	0
C.SO.89.89SM 145	0
C.TZ.02.02TZ 007	0
C.US.98.98US MSC3018	0
C.YE.02.02YE011	0
C.ZA.10.DEMC10ZA001	0
C.ZM.02.02ZM108	0
D.CD.83.ELT	0
D.CM.10.DEMD10CM009	0
D.CY.06.CY163	0
D.KE.97.ML415_2	0
D.KR.04.04KBHB	0
D.SN.90.SE365	0
D.TD.99.MN011	0
D.TZ.01.A280	0
D.UG.08.p191859	0
D.YE.02.02YE516	0
D.ZA.90.R1	0
F1.AO.06.AO_06 ANG125	TCGGCTGAAAC-AGTTAACGTGA...GAG...C...	0
F1.AR.02.ARE933	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.07.07BR844	0
F1.CY.08.CY222	0
F1.ES.07.07E05001	0
F1.FR.93.FIN9363	0
F1.FR.96.96FR MP411	0
F1.RO.96.BCI R07	0
F1.RU.08.D88_845	0
F2.CM.10.DEMF210CM007	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	0
G.CM.10.DEMG10CM008	0
G.CN.08.GX_2084_08	0
G.CU.99.Cu74	0
G.E5.09.X2634_2	0
G.GH.03.03GH175G	0
G.KE.93.HH8793_1	0
G.NG.09.09NG_SC62	0

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

		Packaging loops end	Gag and Gag-Pol start
B.FR.83.HXB2	GC...GACTGGTGAATCGCCAAAAA.....TTTGACTAGCGGAGG.....CTAGAAGG.....AGAGAG	ATGGGTGGAGAGGCTCAGTTAACGGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAGTCGTTAAGGCCAGGGGAAAG	867
Gag		M G A R A S V L S G G E L D R W E K I R L R P G G K	
A1.AU.03.PS1044 Day0		A - AG - GC - G - C	78
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538		A - A - GC - G G	111
A1.E5.06.X2110		-R - A - C - A - GC - G G	111
A1.IT.02.60000		-T - G - AAT - A - I - C - A - GC - G G	878
A1.KE.06.06KEclst 001		-T - G - A - A - T - A - GC - G G	78
A1.RU.06.11RU6950		C - T - GA - T - A - A - GC - G G	409
A1.RW.07.05RW638		C - T - G - ATT - T - AG - GC - G G	888
A1.SR.95.PS0358			75
A1.ZZ.01.A243			72
A1.UA.01.01UA0N139			72
A1.UG.07.p191845			906
A1.ZA.04.04ZASK162B1		C - GGG - ATT - T - A - A - GC - G G	214
A2.CD.97.97CDKTB48		A - G - T - ATT - A - AGCT - G - TC - G - C	214
A2.CM.01.01CM.1445MV		A - T - T - T - A - A - GCT - G - G	236
A2.CY.94.94CY017_41		A - A - G - A - GCT - G - G	78
B.AR.04.04AR143170			74
B.AU.04.PS1038 Day174			78
B.BO.09.DEMB09B0001			236
B.BR.06.06BR1119			284
B.CA.07.502.1191_03			288
B.CH.04.HIV CH BID V4408			288
B.CN.10.DEMB10CN002			233
B.CO.01.PCM001			72
B.CU.99.Cu19			409
B.CY.99.CY266			78
B.DE.04.HIV DE BID V4131			78
B.DK.06.DEMB10CN11			78
B.DM.05.05D0.160884			226
B.ES.09.P2149_3			226
B.FR.08.DEMB08F0002			223
B.GE.03.03GENM2004			72
B.HT.05.05HT.129389			72
B.JM.05.05JM.KJ108			72
B.JP.05.DR6538			871
B.KR.07.07KY4			533
B.NL.06.671.00T36			393
B.PE.07.502.2649 wg8			279
B.PY.03.03PY.PSP0115			72
B.RU.11.11RU211P			41
B.Th.07.AA040a.WG11			219
B.Th.01.01Th.CRC50069			41
B.TW.98.00TW.LM49			862
B.UA.01.01UAKV167			72
B.US.11.ES38			72
B.UY.02.02UY.TSU1290			790
B.VE.10.DEMB10VE001			219
B.YE.02.02YE507			72
C.AR.01.ARGA006			72
C.BR.07.DEMC07BR003			229
C.BW.00.00BW07621			244
C.CN.98.YNRLS9840			78
C.CY.08.CY260			78
C.ES.07.X2118_2			310
C.ET.02.02ET.288			72
C.GE.03.03GENM2033			72
C.IL.98.9815002			72
C.IN.03.D24			213
C.KE.00.KER2010			888
C.MM.99.m10U10_3			72
C.MW.93.93M9.965			246
C.SN.98.98SE.364			72
C.SR.89.98SR.145			72
C.SR.92.C0179			72
C.US.98.98US.MSC3018			72
C.UY.01.TRA3011			72
C.YE.02.02YE511			72
C.ZA.10.DEMC10ZA001			231
C.ZM.02.02ZM108			866
D.CD.83.ELT			413
D.CM.10.DEMD10CM009			233
D.CY.06.CY163			72
D.KE.97.ML415_2			333
D.KR.04.04KKBH8			826
D.SN.90.SE365			866
D.TD.99.MN011			85
D.TZ.01.A280			72
D.UG.08.p191859			885
D.YE.02.02YE516			72
D.ZA.90.RT			213
F1.A0.06.A0_06.ANG125			
F1.AR.02.ARE933			
F1.BE.93.VI850			
F1.BR.07.07BR844			
F1.CY.08.CY222			
F1.ES.07.07ES001			
F1.FT.93.FTN0363			
F1.FR.96.06FR.MP411			
F1.RO.96.BCI.R07			
F1.RU.08.D88.845			
F2.CM.19.0DEMFC210CM007			
F2.CM.97.CM53657			
F2.BE.96.DRCB1			
F2.CM.10.DEMG10CM008			
F2.CN.08.GX.2084_08			
F2.CU.99.Cu74			
F2.ES.08.X2634_2			
F2.GH.03.03GH1756			
F2.GE.93.HH8793_12_1			
F2.GN.09.09NC.SC62			

	Packaging loops end	Gag and Gag-Pol start		
B.FR.83.HXB2	GC...GACTGGTAGTACGCCAAA.....TTTGACTAGCGGAGG.....CTAGAAGG.....	.AGAGAG.....ATGGGTGCGAGAGCTCAGTATAAGCGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAATTCGCTTAAGGCCAGGGAAAG	M_G_A_R_A_S_V_L_S_G_E_L_D_R_W_E_K_I_R_L_R_P_G_O_K	867
Gag	C.....-T.....T.....-A.....-G.....	-A.....-G.....-C.....-G.....-A.....	816
G.PT.X.PT306	C.....-T.....T.....-G.....	-C.....-G.....-G.....	270
G.SE.93.SE6165_G6165	-T.....G.....-TTTTA.....-A.....	-A.....-GCT.....-G.....	253
H.BE.93.VI991	-G.....-TTTTA.....-A.....	-GCT.....-G.....-G.....	214
H.CF.90.056	C.....-G.....-TTTG.....-C.....-A.....	-GCT.....-G.....-C.....	388
H.GB.00.00GBAC4001	-G.....-ATTTTGT.....-G.....-A.....	-GCT.....-G.....-G.....	65
J.CD.97.J.97DC.KTB147	C.....-T.....TTT.....GT.....-G.....-A.....	-GCT.....-G.....-G.....	385
J.CM.04.04CMU1422	-T.....T.....TAT.....-C.....-A.....	-GAT.....-G.....-G.....	190
J.SE.93.SE9288_7887	-T.....TATT.....-A.....-T.....	-A.....-CGAT.....-G.....	191
J.SE.94.SE9173_7022	-T.....-T.....-G.....	
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-T.....-A.....	-CAA.....-A.....-C.....	78
K.CM.96.96CM.MP535	-T.....-A.....	-GC.....-G.....-C.....	78
01.AE.AF.07.569N	-G.....-GACTAAC.....A.....G.....-T.....-A.....	-GC.....-G.....-C.....-A.....	79
01.AE.CN.09.1119	-A.....-T.....-A.....-A.....	-CA.....-A.....-G.....	107
01.AE.HK.04.HK081	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-G.....-G.....-C.....	244
01.AE.JP.x.DR6492	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-G.....-G.....-C.....	885
01.AE.TH.04.TH04	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-G.....-G.....-C.....	828
01.AE.TH.09.AA111a.WG11	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-G.....-T.....-A.....	303
01.AE.VN.98.98VNND15	-G.....-A.....-A.....-G.....-T.....-A.....	-GC.....-G.....-C.....	131
02.AG.CM.08.DE09208CM001	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-G.....-G.....-A.....	247
02.AG.ES.06.P1261	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-TC.....-G.....-C.....	219
02.AG.FR.91.D1263	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-TC.....-G.....-C.....	230
02.AG.GH.03.03GH181AG	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-A.....	903
02.AG.LR.x.POCA4951	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-G.....	877
02.AG.NG.x.IBN	C.....-A.....-T.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-G.....	407
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	-G.....-GA.....-T.....-A.....	-GC.....-G.....-G.....	79
02.AG.US.06.502.2696.FL01	-G.....-CT.....-A.....-TC.....-G.....	-GC.....-G.....-G.....	72
02.AG.UZ.02.02020683	-T.....-A.....	-GC.....-G.....	99
03.AR.RU.97.97L53_2	C.....-T.....-T.....-A.....	-GC.....-G.....-GG.....	233
04.DP.CY.94.0406032_3	C.....-T.....-T.....-A.....	-GC.....-G.....-C.....-A.....	243
05.DP.BE.x.VII310	C.....-T.....-T.....-A.....	-GA.....-G.....-C.....	395
06.cpx.AU.96.BFP90	C.....-T.....-T.....-A.....	-AA.....-A.....-A.....	214
07.BC.CN.98.98CN09	C.....-T.....-T.....-A.....	-G.....-AA.....-A.....	824
08.BC.CN.06.nx2	C.....-T.....-T.....-A.....	-C.....-T.....-A.....	78
09.cpx.GH.96.96GH2911	-A.....-AC.....-T.....-T.....-T.....-A.....-C.....-A.....	-GA.....-G.....-C.....-C.....	246
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	-T.....-T.....-T.....-T.....-A.....-C.....-A.....	-AA.....-G.....-GA.....	243
11.cpx.CM.95.95CM.1816	C.....-T.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-A.....-G.....-G.....	887
12.BF.AR.99.ARMA159	-G.....-G.....-A.....-T.....-T.....-A.....	-AA.....-TCC.....-G.....	245
13.cpx.CM.96.96CM.1849	-G.....-G.....-A.....-T.....-T.....-A.....	-GC.....-C.....-A.....	343
14.BG.ES.05.X1870	C.....-T.....-T.....-T.....-A.....-T.....-A.....	-GC.....-C.....-A.....	275
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	C.....-T.....-T.....-T.....-A.....-T.....-A.....	-GC.....-C.....-A.....	234
16.AD.KR.99.97KR004	-TG.....-T.....-T.....-A.....-G.....-A.....	-GC.....-C.....-G.....	272
17.BF.AR.99.AR0038	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-AA.....-A.....-A.....	184
18.cpx.CU.99.CU76	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-AA.....-A.....-A.....	93
19.cpx.CU.99.CU76	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-GA.....-G.....-G.....	342
20.BG.CU.99.Cu103	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-GA.....-G.....-G.....	72
21.A2D.KE.99.KER2003	C.....-CT.....-A.....-A.....	-GCT.....-G.....-C.....-A.....	72
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY	C.....-MT.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-G.....	316
23.BG.CU.03.CB118	C.....-C.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-A.....	327
24.BG.ES.08.X2456_2	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-AG.....-G.....-G.....-CG.....	72
25.cpx.CM.02.1918LE	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-A.....-C.....-A.....	887
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	-G.....-T.....-ATT.....-TC.....-A.....-T.....-A.....	-GC.....-G.....-G.....	236
27.cpx.FR.94.04CD.FR.KZS	-G.....-T.....-TC.....-A.....-T.....-A.....	-T.....-G.....-A.....	238
28.BF.BR.99.BREPM12699	C.....-C.....-C.....-A.....-A.....	-A.....-G.....-G.....	324
29.BF.BR.01.BREPM16704	C.....-G.....-T.....-TTT.....-A.....-A.....	-GCT.....-G.....-C.....-A.....	57
31.BC.BR.04.04BPR142	C.....-G.....-T.....-TTT.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-A.....	180
32.BE.EE.01.01EE.01	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-A.....-T.....-A.....	72
33.01B.ID.97.JKT189_C	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-AC.....-G.....-G.....	79
34.01B.TH.99.OUR2478P	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-G.....	72
35.AD.AF.07.169N	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-GC.....-G.....-G.....	72
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-C.....-C.....-A.....	293
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	C.....-T.....-T.....-A.....-A.....	-C.....-C.....-A.....	341
38.BF1.UY.03.UY03.3389	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-AA.....-A.....-A.....-G.....	350
39.BF.BR.04.04BRRJ179	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-A.....-G.....-G.....	396
40.BF.BR.05.05BRRJ055	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-G.....-A.....-G.....-R.....	401
42.BF.LU.03.LuBR.05.03	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-A.....-G.....-A.....-A.....	306
43.02G.SA.03.J11223	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-GA.....-ATG.....-A.....	859
44.BF.CL.00.CH80	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-A.....-G.....-C.....-C.....	300
45.cpx.FR.04.04FR.AUK	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-C.....-C.....-G.....-A.....	312
46.BF.BR.07.07FB.FPS625	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-G.....-A.....-G.....-A.....	78
47.BE.ES.08.P1942	C.....-T.....-TAAA.....-A.....-A.....	-AA.....-A.....-A.....-G.....	302
48.01B.MY.07.07MYKT021	C.....-G.....-T.....-TT.....-A.....-A.....	-AA.....-A.....-A.....-G.....	74
49.cpx.GM.03.N26677	C.....-G.....-T.....-TT.....-A.....-A.....	-R.....-C.....-T.....-A.....	184
51.01B.SG.11.11SG.HM021	C.....-G.....-T.....-TT.....-A.....-A.....	-CT.....-A.....-GC.....-C.....-C.....	213
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	C.....-G.....-T.....-TT.....-A.....-A.....	-A.....-T.....-C.....-G.....-G.....-C.....	266
53.01B.MY.11.11FIR164	C.....-G.....-T.....-TT.....-A.....-A.....	-GCT.....-C.....-C.....-C.....	183
54.01B.MY.09.09MYSB023	C.....-G.....-T.....-TT.....-A.....-A.....	-C.....-C.....-G.....-A.....	
55.01B.CN.10.HNC5102056	C.....-G.....-T.....-TT.....-A.....-A.....	-G.....-A.....-GCT.....-C.....-C.....	
0.BE.87.ANT70	T-ACA-G.....-G.....-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-T-.....-T-.....-G-C.....-A-A-CA-CA-G-.....	-GC.....-C-A-A-A-ATCT-A	918
0.CM.91.MVP5180	AA-G.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-T-.....-G-C.....-A-A-TA-G-.....	-GC.....-C-A-ATCT-A	893
0.CM.98.98CMA104	AAA-G.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-T-.....-G-C.....-A-A-CA-G-.....	-GC.....-C-A-ATCT-A	350
0.FR.92.VAU	A-G.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-T-.....-G-C.....-A-A-CTA-G-.....	-GC.....-C-A-A-ATCT-A	427
0.SN.99.99SE.MP1299	AA-G.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-T-.....-G-C.....-A-A-CA-G-.....	-GC.....-C-A-A-ATCT-A	920
0.US.10.LTNP	G-G.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-T-.....-G-C.....-A-A-CCG-G-.....	-GC.....-C-A-A-ATCT-A	839
0.US.97.97US08692A	AA-G.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-T-.....-G-C.....-A-A-TA-G-.....	-GC.....-C-A-C-A-ATCT-A	315
N.CM.02.DJ00131	CG-AGT-A.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-A-CA-G-.....	-GC.....-C-A-TAT-G-A-	337
N.CM.04.04CM.1015_04	CG-AGT-A.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-A-AA-G-.....	-GC.....-C-TAT-G-A-	339
N.CM.06.U14842	CG-AGT-A.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-R-A-TA-G-.....	-GGG.....-TAT-G-A-	338
N.CM.95.YBF30	CG-AGT-A.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-T-TA-G-.....	-TC.....-TAT-G-A-	425
N.CM.97.YBF106	CG-AGT-A.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-A-G-.....	-GC.....-TAT-G-A-	426
N.FR.11.N1.FR.2011	CG-AGT-A.....-G-T-CCAGAC.....-G.....-G-A.....-AGGG.....-CGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-G-.....	-GC.....-TAC-G-A-	232
P.CM.06.U14788	A-T-ACTGACC.....-G-G-A.....-AGGGCGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-C-T-A-A-T-	-GC.....-A-C-T-C-A-C-	353
P.FR.09.RBF168	T-ACG-CG.....-A-T-T-ACTGACC.....-G-G-A.....-AGGGCGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-C-T-A-A-T-	-GC.....-A-C-T-A-C-	911
CPZ.CD.06.BF1167	T-ACG-CG.....-A-T-T-CTAGAC.....-G-G-A.....-AGGGCGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-C-T-C-A-C-	-TCGG-AA-C-TC-C-C-A-C-	876
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	T-ACG-CG.....-A-T-T-CTAGAC.....-G-G-A.....-AGGGCGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-G-C.....-A-C-T-C-A-C-	-TCGG-AA-C-TC-C-C-A-C-	436
CPZ.GA.88.GAB1	C.....-A-T-T-CTAGAC.....-G-G-A.....-AGGGCGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-A-C-C-A-AGA-G-.....	-G-.....-C-T-A-C-A-C-	904
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	C.....-A-T-T-CTAGAC.....-G-G-A.....-AGGGCGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-TC-C-A-C-A-G-.....	-G-A-A-A-GC-T-ACT-GC.....-A-C-T-A-C-A-C-	427
CPZ.US.85.US.Marilyn	T-CA-C-A-T-CTGGAC.....-G-G-A.....-AGGGCGAAGTCTCTAGGGGAG-AG.....-TC-C-A-C-A-G-.....	-G-C-T-A-C-T-A-T-A-	909

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	AAAAAATATAATTAAACATATAGTATGGCAAGCAGGGAGCTAGAACGATTTCGAGTTAACCTGGCTGTTAGAACATCAGAAGGCTAGACAAAATCTGGACAGCTAACCATCCCTAGACAGGATCAGAAGAACATTAGATCATTATAATACAGTAGC	1037
Gag	K K Y K L K H I V W A S R E L E R F A V N P G L L E T S E G C R Q I L Q G Q L Q P S L Q T G S E E L R S L Y N T V A	
A1.AU.03.PS1044 Day0	-G-C-G-C-T-C-G-A-C-Y-R-T-T-T-G-A-C-A-A-A-T-G-T-Y-A-W-A-A-T-	248
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	-G-C-G-C-T-C-G-A-C-C-C-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-A-T-	248
A1.ES.06.X2116	-G-C-G-C-CC-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	281
A1.IT.02.600E001	-G-C-G-C-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1048
A1.KE.06.06KEst 001	-G-C-G-C-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	249
A1.RU.11.11RU6950	-G-C-G-C-CC-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	579
A1.RW.07.pr463F	-G-C-G-C-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1058
A1.SE.95.S8538	-G-C-G-C-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
A1.TZ.01.A341	-G-C-G-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
A1.UA.01.01UADN139	-G-C-G-C-CC-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
A1.UG.07.p191845	-G-C-G-C-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1076
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-G-C-G-C-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	469
A2.CD.97.97LDK1B48	-G-C-G-I-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	384
A2.CM.01.01CM.1445MV	-G-C-G-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
A2.CY.94.94CY017_41	-G-C-G-T-G-A-C-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	406
B.AR.04.04AR14317a	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	244
B.AU.04.PS1038 Day174	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	248
B.BR.06.06MBR0061	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	406
B.CA.07.50511191_03	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	454
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	458
B.CN.10.06MB10CN002	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	403
B.CO.01.PCM001	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
B.CU.99.Cu19	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	578
B.CY.09.CY266	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	248
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	248
B.DK.07.PMV1 011	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	396
B.DO.05.05DO_160884	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
B.ES.09.P2149_3	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	493
B.FR.08.06MBR002	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	393
B.GE.03.03GEM2004	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
B.IU.05.05IUM_KJ108	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
B.JP.05.DR6538	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1041
B.KR.07.07KY44	-G-G-G-C-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	703
B.NL.00.671_00T36	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	563
B.PE.07.502_2649_w08	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	449
B.PY.03.03PY_PSP0115	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
B.RU.11.11RU21n	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	581
B.TH.07.AA040a.WG11	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	389
B.TT.01.01TT_CRC50669	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
B.TW.94.TWCYS_LM49	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1036
B.UA.01.01UAUKV167	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
B.US.02.ES38	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	960
B.UY.02.02UY_TSU1290	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
B.VD.10.06EMB10VE001	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	389
B.YE.02.02YE507	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.AR.01.AR4086	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.BR.07.06MBR003	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	399
C.BN.00.06WMB621	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	399
C.CN.08.08YRL9840	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.CY.89.YNRL9840	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	248
C.ES.67.X2118_2	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	480
C.ET.02.02ET_288	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.GE.03.03GEM2033	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.IL.98.98IS002	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	383
C.IN.03.D24	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1058
C.KE.03.KER2010	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.MM.99.mIDU101_3	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	416
C.MW.93.93MW_965	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.SN.90.90SE_364	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	245
C.SO.89.89SM_145	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	245
C.TZ.02.0201	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.ZD.06.06BUC_MSC3018	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.UV.01.TRA3011	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
C.YE.02.02YE511	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	401
C.ZA.16.DEMC10ZA001	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1036
C.ZM.02.02ZM108	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
D.CD.83.ELI	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	583
D.CM.10.06DEM10CM009	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	403
D.CY.06.CY163	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	248
D.KF.97.ML415_2	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	503
D.KR.04.04KBB8	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	996
D.SN.90.SE365	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1036
D.TD.99.MN011	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	255
D.TZ.01.A280	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	232
D.UG.08.p191859	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1055
D.YE.02.02YE516	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
D.ZA.90.R1	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	383
F1.AO.06.AO_06.ANG125	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	146
F1.AR.02.ARE933	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	346
F1.BE.93.V1850	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	392
F1.BR.07.07BR844	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	80
F1.CM.08.08CM001	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	248
F1.FI.93.DEMF110E5001	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	388
F1.FI.93.FIN9363	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	378
F1.FR.96.96FR_MP411	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	248
F1.RO.96.BCI_R07	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1076
F1.RU.08.D88_845	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	493
F2.CM.10.DEMF210CM007	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	402
F2.CM.97.CM53657	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	242
G.BE.96.DRCBL	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1022
G.CM.10.DEMG10CM008	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	421
G.CN.08.GX_2084_08	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	274
G.CU.99.Cu74	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	650
G.ES.09.X2634_2	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	514
G.GH.03.03GH175G	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	1080
G.KE.93.HH8793_12_1	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	439
G.NG.09.09NG_SC62	-G-G-C-G-C-T-C-G-C-C-T-G-A-C-A-T-T-G-A-C-A-C-A-G-T-A-C-A-T-	244

B.FR.83.HXB2	AACCTCTATTGTGTCATCAAAGGATAGAGATAAAAGACCAAGGAAGCTTAGACAAGATAGAGGAAGGCCAAAACAAAGT	.AAGAAA.	.AAA..GCACAGCAA.	GCA.	1143
Gag	T L Y C V H Q R I E I K D T K E A L D K I E E Q N K S .	.K K .	.K A Q O .	A .	--
A1.AU.03.PS1044 Day0	-A-T-G-G-G-G-	-Y-T-A-ATAA-	-T-G-C-C-	-GG..A-T-A-G-	354
A1.CH.03.HIV CH BID_V3538	-A-G-G-G-G-	-G-T-A-GATA-	-T-G-C-C-	-GG..A-T-A-G-	354
A1.ES.06.X2116	-A-C-T-G-	-G-T-A-GATA-	-T-G-C-C-	-GG..A-T-A-G-	387
A1.IT.02.60000	-A-C-T-G-	-G-T-A-GATA-	-T-G-C-C-	-GG..A-T-A-G-	1154
A1.KE.06.06KEst 001	-C-A-C-CAAC-GTG-G-	-GC-T-A-CTA-	-T-G-C-C-	-GG..A-C-AA-G-	355
A1.RU.11.1IRU6950	-T-A-C-C-G-A-TG-	-T-A-ATA-	-T-G-C-C-	-GG..A-C-AA-G-	685
A1.RW.07.prR463F	-GT-C-A-G-A-TG-	-A-C-T-AT-	-ATA-G-G-C-	-GG..A-C-CA-G-	1164
A1.SE.95.SE8538	-T-GG-C-A-C-TG-G-	-C-T-AT-	-ATA-G-G-C-	-GG..A-C-A-G-	348
A1.TZ.01.A341	-A-C-TG-G-	-C-T-A-AT-	-AT-T-G-C-	-GG..A-C-A-G-	348
A1.UA.01.01UADN139	-A-C-G-G-	-G-T-A-ATA-	-T-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	348
A1.UG.07.p191845	-A-A-TG-	-A-C-T-A-ATA-	-T-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	1182
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-A-A-TG-	-T-A-ATA-	-T-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	590
A2.CD.97.97DKB1848	-G-C-I-A-A-G-	-C-T-A-A-	-T-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	490
A2.CM.01.91CM1445MV	-G-C-A-A-AA-G-	-CC-T-AT-G-	-TAC-C-G-	-GG..A-C-A-G-	348
A2.CY.94.94CY017_41	-G-C-G-A-G-TG-	-C-T-A-A-	-AT-T-G-C-	-GG..A-C-A-G-	506
B.AR.04.04AR143170	-G-T-A-C-G-A-G-G-	-T-G-C-A-	-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	350
B.AU.04.PS1038 Day174	-G-T-A-GA-G-G-	-C-T-A-A-	-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	354
B.BR.06.06BR1110	-G-T-A-G-G-	-T-A-A-	-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	352
B.CA.CH.04.HIV CH BID_V4408	-G-T-A-G-G-	-A-A-G-	-T-A-G-	-GG..A-C-A-G-	360
B.CN.10.DEMB10CN002	-G-T-G-G-	-A-C-T-	-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	354
B.CO.01.PCM001	-G-T-A-G-G-	-C-T-G-	-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	348
B.CU.99.Cu19	-G-T-A-G-G-	-T-G-G-	-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	684
B.CY.09.CY266	-G-T-A-G-G-	-T-G-A-	-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	355
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	-G-T-A-G-G-	-T-A-G-	-G-C-C-	-GG..A-C-A-G-	378
B.DK.07.PMVL 011	-G-T-A-G-G-	-G-A-	-C-C-	-GG..T-A-GCGCA-	508
B.DO.05.05DO 160884	-G-T-A-G-G-	-A-T-TA-	-G-C-	-GG..T-A-GCGCA-	348
B.ES.09.P2149 3	-G-T-A-G-G-	-A-T-TA-	-G-C-	-GG..T-A-GCGCA-	599
B.FR.08.DEMB88FR002	-G-T-A-G-G-	-A-T-TA-	-G-C-	-GG..T-A-GCGCA-	499
B.GE.03.03GEM2004	-G-T-A-G-G-	-A-C-T-G-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	348
B.JI.05.05JIM_K108	-G-T-A-G-G-	-C-T-G-G-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	348
B.JP.05.DR6538	-G-T-A-G-G-	-C-T-C-C-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	1147
B.KR.07.07KY44	-G-T-A-G-G-	-C-T-C-C-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	809
B.NL.00.671_00T36	-G-T-A-G-G-	-A-A-A-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	678
B.PE.07.502-2649_w08	-G-T-A-G-G-	-A-A-C-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	555
B.PY.03.03PY_PSP0115	-G-T-A-G-G-	-A-A-C-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	348
B.RU.11.11RU21n	-G-T-A-G-G-	-T-A-G-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	687
B.TH.07.AA040a.WG11	-G-T-A-G-G-	-T-A-G-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	495
B.TT.01.01TT_CRC50069	-G-T-A-G-G-	-A-A-G-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	348
B.TW.94.TWCYS LM49	-G-T-A-G-G-	-A-A-A-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	1142
B.UA.01.01UAKV167	-G-T-A-G-G-	-A-C-A-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	348
B.US.03.ES38	-G-T-A-G-G-	-A-T-G-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	1066
B.UY.02.0001.TSU1290	-G-T-A-G-G-	-A-G-A-	-G-C-G-	-GG..T-A-GCGCA-	348
B.VI.10.DEMB10IVE001	-G-T-A-G-G-	-A-G-C-A-G-G-	-T-T-C-	-GG..T-A-GCGCA-	495
B.YE.02.02YE507	-G-T-A-G-G-	-T-G-C-	-T-C-C-	-GG..T-A-GCGCA-	348
C.AR.01.AR4086	-T-A-G-C-AA-G-	-A-C-A-A-A-	-G-A-C-	-C-C-G-	GAA..
C.AR.07.DEM07BR003	-T-A-G-C-AA-G-	-A-C-A-A-A-	-G-A-C-	-C-C-G-	GAA..
C.BH.00.00WVH621	-T-A-G-C-AA-G-	-A-C-A-A-A-	-G-A-C-	-C-C-G-	GAA..
C.CN.08.YNRL9840	-T-A-G-C-AA-G-	-A-C-A-A-A-	-G-A-C-	-C-C-G-	GAA..
C.CY.09.CY260	-T-A-G-C-AA-G-	-A-C-A-A-A-	-G-A-C-	-C-C-G-	GAA..
C.ES.67.X2118_2	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	369
C.ET.02.02ET_288	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	389
C.GE.03.03GEM2033	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.IL.98.98IS002	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.IN.03.D24	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	492
C.KE.00.KER2010	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.MM.99.mIDU101_3	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	524
C.MW.93.93MW_965	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.SN.90.90SE_364	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.SO.89.89SM_145	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.TZ.02.00T	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.UV.00.00WUC_MSC3018	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.UV.01.TRA3011	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	339
C.YE.02.02YE511	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	351
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	510
C.ZM.02.02ZM108	-T-GT-CG-A-G-C-TG-G-	-RG-A-G-G-	-C-AC-G-	.AAAAACACAGCAG-T	1151
D.CD.83.ELI	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	689
D.CM.10.DEMD10CM009	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	506
D.CY.06.CY163	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	354
D.KF.97.ML415_2	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	609
D.KR.04.04KBH8	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	1102
D.SN.90.SE365	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	1142
D.TD.99.MN011	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	361
D.TZ.01.A280	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	338
D.UG.08.p191859	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	1161
D.YE.02.02YE516	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	348
D.ZA.90.R1	-A-A-G-A-TG-G-	-A-G-A-	-G-G-T-	-GG..G-AGCAGACACAGCAG-	489
F1.A0.06.A0_06.ANG125	-GT-T-A-A-G-A-G-G-	-G-C-C-	-A-G-T-	-C-C-C-	..A-GA-A--
F1.AR.02.ARE933	-GT-C-A-A-G-G-	-G-C-C-	-A-T-	-C-C-C-	-G..AG--
F1.BE.93.V1850	-GT-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-C-C-C-	-G..A--
F1.BR.07.prB844	-GT-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-A-AAGACGCAACAA..	498
F1.CS.08.08	-GT-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-A-AAGACGCAACAA..	918
F1.FS.07.DEMF110E5001	-GT-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-A-AAGACGCAACAA..	354
F1.FI.93.FIN9363	-GT-T-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-A-AAGACGCAACAA..	494
F1.FR.96.96FR_MP411	-GT-T-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-A-AAGACGCAACAA..	354
F1.RO.96.BCI_R07	-GT-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-A-AAGACGCAACAA..	1182
F1.RU.08.D88_845	-GT-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-C-A-GAGCAGCACAA..	614
F2.CM.10.DEMF210CM007	-GT-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-C-A-GAGCAGCACAA..	508
F2.CM.97.CM53657	-GT-A-A-G-G-	-A-C-A-	-G-T-	-GG..A-C-A-GAGCAGCACAA..	348
G.BE.96.DRCBL	-A-A-G-G-	-A-G-G-	-A-G-G-	-G..AA-GA-C..	1122
G.CM.10.DEMG10CM008	-T-A-G-G-	-A-C-G-G-	-A-G-G-	-G..AA-GA-C..	527
G.CN.99.GX_2084_08	-T-A-G-G-	-A-C-G-G-	-A-G-G-	-G..AA-GA-C..	380
G.CU.99.Cu74	-T-A-G-G-	-A-C-G-G-	-A-G-G-	-G..AA-GA-C..	756
G.ES.09.X2634_2	-T-A-G-G-	-A-C-G-G-	-A-G-G-	-G..AA-GA-C..	617
G.GH.93.03GH175G	-T-A-G-G-	-A-C-G-G-	-A-G-G-	-G..AA-GA-C..	1183
G.KE.93.HH8793_12_1	-T-A-G-G-	-A-C-G-G-	-A-G-G-	-G..AA-GA-C..	545
G.NG.09.09NG_SC62	-T-A-G-G-	-A-C-G-G-	-A-G-G-	-G..AA-GA-C..	350

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

		Gag p17 Matrix end	Gag p24 Capsid start	1263
B.FR.83.HXB2GCAGCTGACACA.....GGA.....CACAGCAAT.....CAG.....GTCA.....
GagA A D TGH S N QV S Q N Y P I V Q N I H Q A I S P R T L N A W V K V
A1.AU.03.PS1044 Day0A.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538A.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....
A1.ES.06.X2116G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....
A1.IT.02.60000G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....
A1.KE.06.06KEst001G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....
A1.RU.11.1IRU6950A.....G.....G.....A.....G.....A.....G.....
A1.RW.07.pr463FA.....G.....G.....A.....G.....A.....G.....
A1.SE.95.S8538T.....C.....T.....T.....G.....T.....G.....
A1.TZ.01.A341C.....T.....T.....T.....G.....T.....G.....
A1.UA.01.01UADN139A.....G.....T.....A.....G.....A.....G.....
A1.UG.07.p191845A.....G.....T.....A.....G.....A.....G.....
A1.ZA.04.04ZASK162B1A.....G.....T.....A.....G.....A.....G.....
A2.CD.97.97CDK1B48A.....G.....T.....A.....G.....A.....G.....
A2.CM.01.01CM.1445MVC.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
A2.CY.94.94CY017_41A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.AR.04.04AR14317aA.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.AU.04.PS1038.Day174A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.BR.06.DEMB10CN001C.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.CA.07.505_11191_03A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.CN.10.DEMB10CN002G.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.CO.01.PCM001A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.CU.09.Cu19G.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.CY.09.CY266	CTTCATA.....C.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131G.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.DK.07.PMVL 011A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.DO.05.05DO_160884A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.ES.09.P2149_3A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.FR.08.DEMB08FR002G.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.GE.03.03GEM2004A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.BR.05.05BR1110_03A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.JM.07.JM_KJ108A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.JP.05.DR6538A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.KR.07.07KY4A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.NL.09.671_00T36A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.PE.07.502_2649_w08A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.PY.03.03Py_PSP0115A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.RU.07.11RU21nA.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.TH.07.AA040a_WG11A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.TT.94.0101TT_CRC50069A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.TW.94.TWCYS_LM49A.....C.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.UA.01.01UAUKV167A.....C.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.US.02.ES38C.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.UY.02.02UY_TSU1290A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.BR.10.DEMB10VE001G.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
B.YE.02.02YE507A.....G.....T.....A.....T.....G.....A.....T.....G.....
C.AR.01.ARG4086G.....A.....T.....T.....TC.....A.....
C.BR.07.DEMB07BR003G.....A.....T.....T.....TC.....A.....
C.BR.09.09BRW0621A.....AA.....T.....A.....T.....C.....T.....
C.CN.08.YNRL9840G.....A.....T.....T.....TC.....A.....
C.CY.09.CY266G.....G.....T.....T.....TC.....A.....
C.ES.07.X2118_2G.....G.....T.....T.....TGCT.....A.....
C.ET.02.02ET_288A.....A.....T.....T.....TC.....A.....
C.GE.03.03GEM2033G.....A.....T.....T.....TC.....A.....
C.IL.98.98IS002G.....A.....T.....T.....TC.....A.....
C.IN.03.D24A.....G.....T.....T.....TC.....A.....
C.KE.02.KER2010G.....T.....T.....A.....T.....C.....T.....
C.MM.99.mIDU101_3G.....T.....T.....A.....T.....C.....T.....
C.MW.93.93MW_965G.....T.....A.....T.....A.....T.....TC.....A.....
C.SN.90.90SE_364G.....G.....T.....A.....T.....TC.....A.....
C.SO.89.89SM_145G.....G.....T.....A.....T.....TC.....A.....
C.TZ.02.02TZG.....G.....T.....A.....T.....TC.....A.....
C.ZB.08.08BUC_MSC3018G.....A.....T.....T.....TC.....A.....
C.UV.01.TRA3011G.....A.....T.....T.....TG.....A.....
C.YE.02.02YE511G.....AG.....T.....A.....T.....TC.....A.....
C.ZA.10.DEMC10ZA001G.....A.....T.....A.....T.....TC.....A.....
C.ZM.02.02ZM108G.....AA.....T.....T.....TC.....A.....
D.CD.83.ELIA.....A.....T.....T.....TC.....A.....
D.CM.10.01DEM10CM009A.....A.....T.....T.....TC.....A.....
D.CY.06.CY163G.....A.....T.....T.....TC.....A.....
D.KF.07.ML415_2A.....A.....T.....T.....TC.....A.....
D.KR.04.04KBBH8A.....AA.....T.....T.....TC.....A.....
D.SN.90.90SE365A.....AA.....T.....T.....TC.....A.....
D.TD.99.MN011A.....AA.....T.....T.....TC.....A.....
D.TZ.01.A280A.....AA.....T.....T.....TC.....A.....
D.UG.08.p191859A.....AA.....T.....A.....T.....C.....T.....
D.YE.02.02YE516A.....AA.....T.....A.....T.....C.....T.....
D.ZA.90.R1G.....A.....T.....A.....T.....C.....T.....
F1.A0.06.GA_06.ANG125C.....T.....T.....C.....A.....
F1.AR.02.AR0933G.....T.....T.....C.....A.....
F1.BE.93.V1850G.....T.....T.....C.....A.....
F1.BR.07.07BR844G.....T.....T.....C.....A.....
F1.CI.08.08CI001G.....T.....T.....C.....A.....
F1.ES.07.DEMF110ES001G.....T.....T.....C.....A.....
F1.FI.93.FIN9363G.....T.....T.....C.....A.....
F1.FR.96.96FR_MP411G.....T.....T.....C.....A.....
F1.RO.96.BCI_R07G.....T.....T.....C.....A.....
F1.RU.08.D88_845G.....T.....T.....C.....A.....
F2.CM.10.DEMF210CM007G.....T.....T.....C.....A.....
F2.CM.97.CM53657G.....T.....T.....C.....A.....
G.BE.96.DRCBLG.....T.....T.....C.....A.....
G.CM.10.DEMG10CM008GG.....GTGA.....T.....T.....C.....A.....
G.CN.08.GX_2084_08A.....T.....T.....C.....A.....
G.CU.99.Cu74AGG.....TGA.....T.....T.....C.....A.....
G.ES.09.X2634_2ATG.....TGA.....T.....T.....C.....A.....
G.GH.03.03GH175GAAG.....CTGA.....T.....T.....C.....A.....
G.KE.93.HH8793_12_1AGG.....TGA.....T.....T.....C.....A.....
G.NG.09.09NG_SC62GCA.....A.....G.....T.....T.....C.....A.....

	Gag p17 Matrix end Gag p24 Capsid start		1263
B.FR.83.HXB2	GCAGCTGACACA	GGA	
Gag	A A D T	G	
G.PT.X.PT3306	ATG GA	-A-	
G.SE.93.SE6165_G6165	ATG T A	-A-	
H.BE.93.VI991	T A	-A-	
H.BE.93.VI997	-A	-A-GA	
H.CF.90.056	-A	-A-GA	
H.GB.00.006BAC4001	-A	-RGT-A	
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-A-T-A	AA-	
J.CM.94.04CMU1421	-A-R-A	A-R	
J.SE.93.SE9288_7887	-A-A-A	AA-	
J.SE.94.SE9173_7022	-A-A-G	AA-	
K.CD.97.97ZER.EQTB11	AA-	-G	
K.CM.96.96CM.MP535	A	-T	
01 AE_AF.07.569N	G	-A	
01 AE_CN.09.1119	G	-C	
01 AE_HK.04.HK001	G	-T	
01 AE_JP.x.DR8492	G	-T	
01 AE_TW.09.TW001	G	-G	
01 AE_TW.09_AA111a_WG11	G	-C	
01 AE_TW.09_CM240	G	-C	
01 AE_VN.98.98VNND15	G	-T	
02 AG_CM.08.DE09208CM001	G	-A	
02 AG_ES.06.P1261	C G	-G	
02 AG_FR.91.D1263	G C	-T	
02 AG_GH.03.03GH181AG	C	-T	
02 AG_LR.x.POC44951	C	-T	
02 AG_NG.x.IBN	C	-T	
02 AG_SN.98.98SE.MP1211	C	-T	
02 AG_US.06.502_2696_FL01	C	-T	
02 AG_UZ.02.02020683	C	-T	
03 AB_RZ.97.RZ153_2	A G	-T	
04 DE_CV.94.0406032_3	C G	-T	
05 DP_BE_x.VII310	A G	-C	
06 CPX_AU.96.BFP90	G	-T	
07 BC_CN.98.98CN09	G	-T	
08 BC_CN.06.nx2	G	-T	
09 CPX_GH.96.96GH2911	A G A - T	-T	
10 CD_TZ.96.96TZ.BF061	A A - A	-T	
11 CPX_CM.95.95CM.1816	G	-T	
12 BF_AR.93.ARMA159	AAGA-TGA	-G	
13 CPX_CM.96.96CM.1849	TAAG-GA	-G	
14 BG_ES.05.X1870	G G	-T	
15 01B_TH.99.99TH.MU2079	G	-T	
16 AD_KR.99.97KR004	G	-T	
17 BF_AR.99.ARMA38	G	-T	
18 CPX_CU.99.CU76	C G	-T	
19 CPX_CU.99.CU76	A G	-C	
20 BG_CU.99.CU103	A G GTGA	-G	
21 A2D KE.99.KER2003	A	-G	
22 01A_CM.01.01CM_0001BBY	G	-T	
23 BG_CU.03.CB118	A G GTGA	-G	
24 BG_ES.08.X2456_2	A G GTGA	-T	
25 CPX_CM.02.1918LE	A	-AGT	
26 AU_CD.02.02CD.MBTB047	A A - A	-T	
27 CPX_FR.04.04CD.FR_KZS	GAG	-T	
28 BF_BR.99.BREPM12609	G	-T	
29 BF_BR.01.BREPM16704	G	-T	
31 BE_EE.01.EE01669	G G A	-T	
32 01B_ID.97.JKT1898_C	A C	-T	
34 01B_TH.99.OUR2478P	G	-T	
35 AD_AF.07.169H	G	-T	
36 CPX_CM.00.00CMNYU830	G	-T	
37 CPX_CM.00.00CMNYU830	G	-T	
38 BF1_UY.03.UY03_3389	A	-G	
39 BF_BR.04.04BRRJ179	A	-G	
40 BF_BR.05.05BRRJ055	A	-G	
42 BF_LU.03.LuBt_05_03	C	-T	
43 026_SA.03.J11223	C	-T	
44 BF_CL.02.CH80	C A	-G	
45 CPX_FR.04.04FR.AUK	C C	-G	
46 BF_BR.04.P1942	A A - A	-G	
47 BF_BR.07.P1942	A A - A	-G	
48 01B_MY.07.07MYKT021	A C	-G	
49 CPX_GM.03.N26677	A C	-G	
51 01B_SG.11.11SG.HM021	A	-G	
52 01B_MY.03.03MYKL018_1	G	-G	
53 01B_MY.11.11FIR164	A	-G	
54 01B_MY.09.09MYSB023	A	-G	
55 01B_CN.10.HNC5102056	A G G	-G	
0.BE.87.ANT70	A G C - C - A G G A - G A C A C A	-GGG-T	
0.CM.91.MVP5180	.GAG - C - A G G A - G A A A C A	-CGG-T	
0.CM.98.98CMA104	.GGT - C - A G G A - G A C A C A	-ATCA - TCCG -	
0.FR.92.VAU	.AGTAGTA - A G G A - A C A C A	-AAC - T	
0.SN.99.99SE.MP1299	.GGTA - C - A G G A - G A C A C A	-ACAG - T	
0.US.10.LTNP	.GGT - C - A G G A - G A C G C A	-ACGG - T	
0.US.97.97US08692A	.AGT - C - A G G A - G A C A C A	-ACGG - T	
N.CM.02.DJ00131	.GGG - G CAG	-GGG-T	
N.CM.04.04CM.1015_04	.GGG - G CAG	-GGG-T	
N.CM.06.U14842	.GGG - G CAG	-GGG-T	
N.CM.95.YBF30	.GGG - G CAG	-GGG-T	
N.CM.97.YBF106	.GGGA - G CGG	-GGG-T	
N.FR.11.N1.FR.2011	.GGG - G CAG	-GGG-T	
P.CM.06.U14788	.GGG - C - G G A G A C A	-GGG-T	
P.FR.09.RFB168	.GGG - C - G G A G A C A	-GGG-T	
CPZ_CD.06.BF1167	A - TG - TCTAGTGGTCAGACA - AAAATCTACCCACATTGCCATCT - TGG	-GGG-T	
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	GGAGAGA - A - TG - TCTAGTGGTCAGACA - AAAATCTACCCACATTGCCATCT - TGG	-GGG-T	
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	GGAGAGA - A - TG - TCTAGTGGTCAGACA - AAAATCTACCCACATTGCCATCT - TGG	-GGG-T	
CPZ_US.85.US_Marilyn	GGAGAGA - A - TG - TCTAGTGGTCAGACA - AAAATCTACCCACATTGCCATCT - TGG	-GGG-T	

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

F.R.83.XHB2	Gag	GATGGATAATCTGGGATTAAATAAAAATAGTAAAGAATGTAGCCCTACCGCATTCTGGACATAAGACAAGGACCAAGGAACCTTAGAGACTATGTAGCCGTTCTATAAAACTCTAAGGCCGAGCACAGGGGTTAAAGGGGATGACAGAAC	1749
A1.AU.03.PS1044	Day0	-T-T-T-G-A-T-C-TA-T-G-T-A-C-T-A-T-G-A-T-A-A-T-G	G-A 960
A1.CH.03.HIV_V1_BID_V3538		-T-GTT-T-G-G-C-T-A-T-G-C-T-A-A-T-G-G	G-A 960
A1.E5.06.XE10		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	G-A 961
A1.E6.08.60009		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	G-A 1760
A1.KE.96.06KEct_001		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	C-C 1279
A1.RW.07.1PBR650		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	C-C 1676
A1.RW.07.pr463F		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	C-C 954
A1.SE.95.SEB538		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	G-G 954
A1.TZ.01.A341		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	G-G 954
A1.UA.01.01UA0N139		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	G-G 954
A1.UG.07.p191845		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	G-G 954
A1.ZA.04.04ZASK162B1		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	G-G 1788
A2.CD.97.97CDKTB48		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	C-C 1141
A2.CM.01.01CM_1445MV		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	C-C 948
A2.CY.94.94CY017_41		-T-A-C-G-T-T-T-A-G-A-C-T-T-G-C-T-A-C-T-G	C-C 106
B.AR.04.04AR143170		-T-C-T-T-A-Y-Y-G-T-A-G-T-G-C-T-Y-G	T-G 944
B.AU.04.PS1038_Day174		-T-G-T-Y-T-T-A-Y-G-T-T-T-C-Y	T 960
B.BQ.09.DEMB09B0001		-T-G-G-T-G-T-A-G-T-T-T-C-Y	T 1181
B.BR.06.06BRI119		-T-G-G-T-G-T-A-G-T-T-T-C-Y	T 1166
B.CA.04.590119_03		-T-G-G-T-G-T-A-G-T-T-T-C-Y	T 1176
B.CH.04.HIV_V1_BID_V4408		-T-G-G-T-G-T-A-G-T-T-T-C-Y	T 960
B.CO.01.01PCM001		-T-G-G-T-G-T-A-G-T-T-T-C-Y	T 1211
B.CU.99.Cu19		-T-G-G-T-G-T-A-G-T-T-T-C-Y	T 954
B.CY.09.CY266		-T-C-G-T-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1290
B.DE.04.HIV_DE_BID_V4131		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 944
B.DK.07.PMV1_011		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 954
B.DO.05.05DO_160884		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 1114
B.ES.09.P2149_3		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 105
B.FR.08.DEMB08FR002		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 1111
B.GE.03.03GEMZ004		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 945
B.HT.05.05HT_129389		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 954
B.JM.05.05JM_KJ108		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 954
B.JP.05.DR6538		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 1753
B.KR.04.JWKY14		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 248
B.PE.00.574010736		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1161
B.PY.02.02UY_PSP0115		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 954
B.RU.11.11RU21n		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 108
B.TH.07.AA040a_WG11		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 1001
B.TT.01.01TT_CRC50069		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 972
B.TW.94.TWCYS_LM49		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1748
B.UA.01.01UAKV167		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 954
B.US.11.ES38		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1672
B.UY.02.02UY_TSU1290		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 951
B.VE.10.10DEMB10VE001		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1001
B.YE.02.02YE507		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 954
C.AR.01.ARGA4006		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	G-G 948
C.BR.07.DEMC07BR003		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1092
C.BW.00.00BW07621		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1177
C.CN.98.YNRL9840		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 954
C.CY.01.01CY0006		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 963
C.EP.07.X118_2		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1183
C.EP.02.02EP_288		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 948
C.GE.03.03GEMZ033		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 945
C.IL.98.98IS002		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1086
C.IN.03.D24		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 779
C.KE.00.KER2010		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 945
C.MM.99.9IDIU101_3		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1118
C.MW.93.93MW_965		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 945
C.SN.90.90SE_364		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 945
C.SO.89.89SM_145		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 945
C.TZ.02.02C178		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 945
C.US.98.98US_MSC3018		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 945
C.YU.01.TRA3011		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 936
C.YE.02.02YE501		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 936
C.ZA.01.01DEMB10ZA001		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1075
C.ZM.02.02ZN108		-T-G-T-C-A-A-A-G-T-T-T-C-Y	T 1075
D.CD.83.ELT		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 1095
D.CM.01.01MD10CM009		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 1121
D.CM.06.CY163		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 9650
D.DK.97.ML45_2		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 2151
D.DR.04.04KBH8		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 948
D.DN.90.SE365		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 1748
D.DT.99.MN011		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 967
D.TZ.01.A280		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 944
D.UG.08.0191859		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 1767
D.YE.02.02YE516		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 954
D.ZA.99.R1		-TG-C-C-C-G-A-T-T-T-T-T-T	T 1095
F1.A0.06.A0_06.ANG125		-C-C-A-G-C-A-T-T-T-T-T-T	C-C 849
F1.AR.02.ARE933		-C-C-A-G-C-A-T-T-T-T-T-T	C-C 1042
F1.BE.93.VI850		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 1092
F1.BR.07.07BR844		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 1092
F1.CY.08.CY222		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 1151
F1.E5.11.DEM110ES001		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 948
F1.E6.93.F0936		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 1188
F1.FR.06.06FR_RP411		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 1084
F1.R0.06.BC1_R07		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 948
F1.RU.08.D85_845		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 776
F2.CM.10.DEMF10CM007		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 2111
F2.CM.97.CMS3657		-T-G-T-C-A-A-G-A-T-T-T-T-T	C-C 1102
G.BE.96.DRCB1		-G-C-T-G-T-A-G-C-A-T-T-T-T-T	C-C 942
G.BE.10.DEMG10CM008		-G-C-T-G-T-A-G-C-A-T-T-T-T-T	C-C 7131
G.CN.08.GX2084_08		-G-C-T-G-T-A-G-C-A-T-T-T-T-T	C-C 1333
G.CU.99.Cu74		-G-C-T-G-T-A-G-C-A-T-T-T-T-T	C-C 977
G.ES.09.X2634_2		-G-C-T-G-T-A-G-C-A-T-T-T-T-T	C-C 1362
G.GH.03.03GH175G		-G-C-T-G-T-A-G-C-A-T-T-T-T-T	C-C 1223
G.KE.93.HH8793_12_1		-G-C-T-G-T-A-G-C-A-T-T-T-T-T	C-C 1789
G.NG.09.09NG_SC62		-G-C-T-G-T-A-G-C-A-T-T-T-T-T	C-C 1515

B.FR.83.HXB2	GATGGATAATCTGGGATTAATAAATAGAATGTATGCCATTCTGGACATAAGAACAGGACCAAGGAACTTCTAGAGACTATGAGACCGTTCTATAAAACTCTAAGAGCCGAGCAAGCTTCAGGAGGTTAAAAATTGGATGACAGAAACC	1749
Gag	R W T I L G L N K I V R M Y S P T S I L D I R Q G P K E P F R D Y V D R F Y K T L R A E Q A S Q E V K N W M T E T	
G.PT.X.PT3306	- - - - - T - T - A - G - - T - C - - T - T A - T - T - A - A - A - C - - - - -	1695
G.SE.93.SE6165_G6165	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1152
H.BE.93.VI991	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1141
H.CF.90.056	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1076
H.GB.00.006BAC4001	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1096
J.CD.97.J.97DC.KTB147	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1270
J.CM.94.04CMU1422	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	953
J.SE.93.SE9288_7887	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1267
J.SE.94.SE9173_7022	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1073
K.CD.97.97ZR.EQTB11	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	948
K.CM.96.96CM.MP535	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	948
01.AE.AF.07.569N	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	961
01.AE.CN.09.1119	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	989
01.AE.HK.04.HK001	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1126
01.AE.JP.x.DR8492	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1767
01.AE.LH.04.LH001	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	10
01.AE.TH.99.AA111a.WG11	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1188
01.AE.TN.90.CM240	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1314
01.AE.VN.98.98VNND15	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1013
02.AG.CM.08.DE09208CM001	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1120
02.AG.ES.06.P1261	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1192
02.AG.FR.91.D1263	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1103
02.AG.GH.03.03GH181AG	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1779
02.AG.LR.x.POC44951	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1750
02.AG.NG.x.IBN	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1280
02.AG.SN.98.98SE.MP2111	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	952
02.AG.US.05.502.2696.FL01	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	952
02.AG.UZ.02.02020683	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	945
03.AR.RZ.97.0153.2	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	981
04.DP.CY.94.0406032.3	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1115
05.DP.BE.v.VII310	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1128
06.Cpx.AU.96.BFP90	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1774
07.BC.CN.98.98CN09	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1087
08.BC.CN.06.nx2	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1699
09.cpx.GH.96.96GH2911	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	960
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1128
11.cpx.CM.95.95CM.1816	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1225
12.BF.AR.95.ARMA159	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1757
13.cpx.CM.96.96CM.1849	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1127
14.BG.ES.05.X1870	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1222
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	A 1157
16.AD.KR.99.97KR004	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	10
17.BF.AR.99.AR0038	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	966
18.cpx.CU.99.CU76	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1066
19.cpx.CU.99.CU7	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	975
20.BG.CU.99.CU103	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1224
21.A2D.KE.99.KER2003	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	954
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	954
23.BG.CU.03.CB118	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1198
24.BG.ES.08.X2456.2	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1209
25.cpx.CM.02.1918LE	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	957
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1760
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1743
28.BF.BR.99.BREPM12609	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1118
29.BF.BR.01.BREPM16704	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1153
31.BC.BR.04.04BRJ142	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	T 133
32.cpx.EC.01.01EC.01	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	390
33.01B.ID.97.JKT189.C	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1059
34.01B.TH.99.OUR2478P	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	954
35.AD.AF.07.169H	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	A 958
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	957
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	948
38.BF.BI.UY.03.UY03.3389	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	C 1163
39.BF.BR.04.04BRJ179	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1223
40.BF.BR.05.05BRJ055	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1235
42.BF.LU.03.LUBR.05.03	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1278
43.026.SA.03.J11223	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1274
44.BF.CL.00.CH80	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1194
45.cpx.FR.04.04FR.AUK	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1711
46.BF.BR.07.07P1842.FPS625	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1190
47.BF.EC.08.P1842	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1191
48.01B.MY.07.07MYKT021	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	960
49.cpx.GM.03.N26677	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1184
51.01B.SG.11.11SG.HM021	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	956
52.01B.MY.03.03MYKL018.1	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1066
53.01B.MY.11.11FR164	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	A 1095
54.01B.MY.09.09MYSB023	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1148
55.01B.CN.10.HNC102056	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1065
0.BE.87.ANT70	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	T 1797
0.CM.91.MVP5180	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1772
0.CM.98.98CMA104	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	T 1229
0.FR.92.VAU	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1306
0.SN.99.99SE.MP1299	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1799
0.US.10.LTNP	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1718
0.US.97.97US08692A	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1194
N.CM.02.DJ00131	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	A 1234
N.CM.04.04CM.1015.04	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	A 1227
N.CM.06.U14842	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	C 1226
N.CM.95.YBF30	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	A 1313
N.CM.97.YBF106	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	A 1314
N.FR.11.N1.FR.2011	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	C 1123
P.CM.06.U14788	AR - - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	C 1214
P.FR.09.RFB168	AG - - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	A 1781
CPZ.CD.06.BF1167	AR - - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	T 1830
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	C 1288
CPZ.CM.88.GAB1	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	T 1810
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	1390
CPZ.US.85.US.Marilyn	- - - - - G - - - - T - A - G - - A - - - - -	G - 1797

		Gag-Pol -1 ribosomal slip site	Pol start	Gag p7 nucleocapsid end	Gag p1 start	Gag p1 end	Gag p6 start	
B.FR.83.XHB2		GACACCAATGAAAGATTG...ACT	.GAG...AGACAGGCTAA	T,TTAGGGAAATCTGGCC	TC,CTACAAGGG	.AAGGCCAGGAA	T,TC,AGAGCAGACC	.AGAGCC
Gag		G_H_Q_M_K_D_C_T	E_R_Q_A_N_F#_F_R_E_D_L_A_F	I_W_P_S_Y_Q_G	K_A_P_E_F_S_S_E_Q_T	R_P_G_I_S_R_P	R_A	2153
Pol		A1.AU.03.PS1044 Day0	C-C	-A	A-T	AG	A-C-C-A-G	1361
		A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	C-C	GA	A	G	C-C-A-T-G	1358
		A1.ES.06.X2110	C-C	A-T	CC	G	C-C-A-T-G	1391
		A1.KE.06.06KEst_001	C-T	A	A	G	C-C-A-T-G	2158
		A1.RU.11.11RU6950	C-C	GA-T	AG-A	G	C-C-A-T-G	1359
		A1.RW.07.pR463F	C-C	A-T	AG-A	G	G-A-C-C	1677
		A1.SE.95.SE8538	C-C	A-T	AG-A	G	G-A-C-C	1352
		A1.TZ.01.A341	C-C	A-T	AG-A	G	G-A-C-C	1355
		A1.UA.01.01UAADN139	C-C	GA-T	AG-A	G	G-A-C-C	1352
		A1.UG.07.p191845	C-C	A-T	AG-A	G	G-A-C-C	2186
		A1.ZA.04.04ZASK16281	G-L	A	AG	G	C-A-G-T-G	1597
		A2.CD.97.97DKTB48	C-C	A-T	AG	G	G-A-C-C	1572
		A2.CM.01.11CM445MV	C-C	A-T	AG	G	G-A-C-C	1352
		A2.CY.94.94CY017_41	C-C	A-T	AG	G	G-A-C-C	1510
		B.AR.04.04AR143170	-A-	AC	C-A	-	A-G	1354
		B.BR.09.1038.Day174	-A-	A	C-C	G	C-C-A	1364
		B.BR.09.DEMB10B0001	-A-	A	C-C	G	C-C-A	1522
		B.BR.06.06BR1115	-A-	A	TC-G-G	G	A-GAGAACAGACC	1570
		B.CA.07.502.1191_03	-A-	A	A	G	A-GA	1580
		B.CH.04.HIV CH_BID_V4408	-C	TC	A	G	A-GA-T	1376
		B.CN.10.10DEMBl0CN002	-TC	A	A	G	AAAGCAGACT	1525
		B.CO.01.PCM001	-A-	A	C-C	G	A	1358
		B.CU.99.Cu19	-A-	C	C	G	A	1700
		B.CY.99.CY266	-C	ACA	A-C-C	GA	A	1370
		B.DE.94.HIV DE BID_V4131	G	G	C-C	G	A	1391
		B.DK.07.PMVL_011	G	G	CC-A-GGG	G	A	1518
		B.DO.05.05DO.160884	G-T	C-C	C-A-G	G	A-C-C	1361
		B.ES.09.P2149_3	-T	A	C-G-A	G	A-C-C	1609
		B.FR.08.DEMB08FR002	-T	G	C	G	A-C-C	1515
		B.GE.03.03GM2006	-T	G	A	G	A-C-C	1399
		B.JP.05.05HT_123589	-G	G	CGAC-A	G	A-C-C	1357
		JM.05.05JM_KJ108	-G	C	C	G	A-GA	1364
		B.JP.05.DR6538	-G	C	CGAC-A	G	A-C-C	2157
		B.KR.67.07KY4	-G	C	A	G	A-C-C	1819
		B.NL.00.671.00T36	N	A	T	G	A-C-C	1700
		B.PE.07.502.2649.w08	N	G	A	G	A-C-C	1562
		B.PY.03.03PY_PSP0115	N	G	T	G	A-C-C	1358
		B.RU.11.11RU21n	C	A	C-GG	G	A-C-C	1712
		B.TH.07.AA040a.WG11	C	A	C	G	A-C-C	1505
		B.TT.01.01TT.CRC50669	C	A	C	G	A-C-C	1376
		B.TW.94.TWCYS_LM549	C	A	C	G	A-C-C	2152
		B.UA.01.01UAKV167	C	A	C	G	A-C-C	1379
		B.US.02.02B20V.TSU1290	G-C	A	G	G	AGAGCACGACC	2088
		B.VE.10.10DEMBl0VE001	G-C	A	G	G	A-C-C	1355
		B.YE.02.02YE507	C	A	G	G	A-C-C	1367
		C.AR.01.AR4006	C	A	A-T	A-Y-C	C	1349
		C.BR.07.DEMC07BR003	C	A	G	C-C	T	1497
		C.BW.00.00BW07621	C	A	A-T	C-C	C-C	1518
		C.CN.08.YNRL9840	G	A	A-T	C-C	G	1349
		C.CY.09.CY266	G	GTT	A-T	C-C	A-G	1379
		C.ES.02.X2118_2	C	A	A-T	C-C	A-G	1581
		C.ET.02.02ET2.288	C	A	AC-T	C-C	A-G	1367
		C.GE.03.03GEMZ033	G	A	A-T	C-C	A-G	1346
		C.IN.98.98IS002	A	A	A-T	C-C	A-G	1487
		C.IN.00.D24	A	A	A-T	C-TC	G-C-A	2189
		C.KE.00.KER2010	A	A	A-T	C-TC	G-C-A	1346
		C.MM.99.MIDU101_3	A	A	A-T	C-C	G-C	1516
		C.MW.93.93MW_965	A	A	A-T	C-C	G-C	1346
		C.SN.90.90SE_364	A	A	A-T	C-C	G-C	1346
		C.SO.89.89SM_145	A	A	A-T	C-C	G-C	1352
		C.US.98.98US	A	A	A-T	C-C	G-C	1356
		C.US.98.98US.MSC3018	A	A	A-T	C-C	G-C	1346
		C.UY.01.TRA3011	C	A	A-T	C-C	G-C	1337
		C.YE.02.02YE511	C	A	A-T	C-C	G-C	1346
		C.ZA.10.10DEMCl0ZA001	C-C	GA	C-C	C-C	C-C	1505
		C.ZM.02.02ZM108	C-C	AAT	C-C	G-C	C-C	2149
		D.CD.83.ELI	C-A	C	GA-T	C-C	G-C-A-C-A	1702
		D.CM.10.DEMD10CM009	C-A	C	G-T	A	C-C-C-C-A-T-A	1525
		D.CY.06.CY163	C-C	A	T-T	C-C	A-C-C-C-C-A-T-A	1364
		D.KE.97.ML415_2	C-C	A	A-T	A-C-C-C-C-A-T-A	1622	
		D.KR.04.04KBKH	C-C	A	AG	A-C-C-C-C-A-T-A	2115	
		D.SN.90.SE365	C-C	GA	A-T	G-C-C-C-C-A-T-A	2155	
		D.TD.99.MN011	G-C	A	AG	G-C-C-C-C-A-T-A	1374	
		D.TZ.01.A280	G-C	A	C-A	G-C-C-C-C-A-T-A	1351	
		D.UG.08.p191859	G-C	A	C-G	G-C-A-C-C-A-GA	2171	
		D.YE.02.02YE516	G-C	GA	AG	G-G-A-C-C-A-GA	1361	
		D.ZA.90.R1	G-C	A-T	C	G-G-A-C-C-A-GA	1502	
		F1.A0.06.A0_06.ANG125	C-C	-A	GA-T	A-A	G-A-C-C-A	1250
		F1.AR.02.ARE933	C-C	-A	A-T	A-A	C-A-C-C-A	1447
		F1.BE.93.V1858	C-C	-A	A-T	A-A	C-A-C-C-A	1400
		F1.BR.01.01B7844	C-C	-A	GAT	A-G	C-A-C-C-C-AA-GTT	1298
		F1.CS.08.CY22	C-C	-A	A-T	A-G	C-A-C-C-C-AA-GTT	1346
		F1.FS.11.DEMF110ES001	C-C	-A	A-T	A-G	C-A-C-C-C-AA-GTT	1489
		F1.FI.93.FIN9363	G-C	-A	A-T	A-G	C-A-C-C-C-A-T-G	1482
		F1.FR.96.96FR_MP411	G-C	-A	A-T	A-G	C-A-C-C-C-A-T-G	1349
		F1.R0.96.BCI_R07	G-C	-A	A-T	C-G	C-A-C-C-A-T-G	2177
		F1.RU.08.D88_845	G-C	-A	GA-T	AG-A	C-A-C-C-R-T	1612
		F2.CM.10.DEMF210CM007	C-C	-A	AC-T	CAG-C	G-C-T-A-A	1500
		F2.CM.97.CM53657	C-C	-A	A-T	C-A-T	G-T-A-A	1343
		G.BE.96.DRCBL	-T	A-C-C	A-T	A-G	C-C-A-G-G	2120
		G.CM.10.DEMG10CM008	-T	C-C	A-T	AG	C-C-A-G-G	1537
		G.CN.08.GX_2084_08	-T	R-C-C	A-T	G	G-C-A-G-G-T	1381
		G.CU.99.Cu74	-T	C-C	A-T	AC-T	A-A-G-G-T	1769
		G.ES.09.X2634_2	-T	C-C	A-T	GA-T	C-A-G-G-T	1624
		G.GH.03.03GH175G	-T	G-C	A-T	G	A-G-G-T	2193
		G.KE.93.HH8793_12_1	-T	C-C	A-T	C-GT	C-A-G-G-T	1557
		G.NG.09.09NG_SC62	-T	C-C	A-T	C-GT	C-A-G-G-T	1348

	Gag-Pol -1 ribosomal slip site	Pol start	Gag p7 nucleocapsid end	Gag p1 start	Gag p1 end	Gag p6 start	
B.FR.83.XHB2	GACACCAATGAAAGATTG...ACT	GAG...AGACAGGCTAA	T	TTTAGGGAAGATCTGGCC	TC	CTACAAGGG	AGAGCC
Gag	G_H_O_M_K_D_C_T	E_R_Q_A_N_F#_L_R_E_D_L_A_F	F#_L_R_E_D_L_A_F	I_W_P_S_Y_Q_G	K_A_R_E_F_S_S_E_Q_T	R_P_G_E_N_F_S_S_E_Q_T	E_P
Pol							R_A
G.PT.X.PT3306	-T-C-C-A-G	-A-T-	-A-T-	-A-G-	-C-C-A-GA	-A-G-T-	A-A-
G.SE.93.SE6165_G6165	-T-C-C-A-G	-A-T-	-A-T-	-A-G-	-A-C-C-A-G	-G-G-T-	A-A-
H.BE.93.VI991	-T-G-C-C-A-GA	-A-T-	-A-T-	-A-G-A-	-G-A-C-C	-G-G-T-	1548
H.CP.93.VI997	-T-G-C-C-A-GA	-A-T-	-A-T-	-A-G-A-	-G-A-C-C	-G-G-T-	1485
H.GB.90.056	-T-G-C-C-A-GA	-G-	-A-T-	-A-G-A-	-G-C-C	-G-G-T-	1677
H.GB.90.00GBAC4001	-T-G-C-C-A-GA	-G-	-A-T-	-A-G-A-	-G-C-C	-G-G-T-	1677
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-Y-A-A-C-C	-C-	-AG-T-	-AG-	-G-R-	-G-Y-R-	1354
J.CM.94.04CMU1421	-Y-A-A-C-C	-R-	-AG-A-	-G-R-	-G-C-Y-R-	-G-G-A-A-	1473
J.SE.93.559288_7887	-Y-A-A-C-C	-T-	-AG-A-	-G-A-	-G-C-C	-G-G-A-A-	1474
J.SE.94.SE9173_7022	-Y-A-A-C-C	-T-	-AG-A-	-G-A-	-G-C-C	-G-G-A-A-	1474
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-T-G-C-C-T	-T-A-T-	-CT-A-A-A-	-G-A-A-	-A-A-	-A-A-	1349
K.CM.96.96CM.MPS535	-T-G-C-C-T	-A-	-G-	-A-G-	-A-C-C	-A-A-	1349
01 AE. AF. 569N	-T-C-C-	-A-T-	-CAC-A-	-G-A-C-	-C-C-A-	-A-A-	1362
01 AE. CN. 09. 1119	-T-C-C-	-G-	-G-C-G-	-A-C-A-	-C-C-A-	-A-A-	1387
01 AE. HK. 04. HK001	-T-C-C-	-G-	-A-T-	-A-G-	-C-C-A-	-A-A-	1524
01 AE. JP. 04.DM002	-T-C-C-	-G-	-A-T-	-A-G-	-C-C-A-	-A-A-	1575
01 AE. TH. 04. BKM	-T-G-C-C-A	-A-T-	-A-A-	-G-A-C-	-G-G-A-	-G-G-	2108
01 AE. TH. 09. A111a.WG11	-T-G-C-C-A	-A-T-	-A-A-	-G-A-C-	-G-G-A-	-G-G-	1583
01 AE. TH. 09. CM240	-T-G-C-C-A	-A-T-	-A-A-	-G-A-C-	-G-G-A-	-G-G-	1712
01 AE. VN. 98. 98VNND15	-T-C-C-	-A-	-A-T-	-AG-	-A-C-C-A-	-A-T-	1408
02 AG. CM. 08. DE00208CBM001	-T-C-C-	-A-	-A-T-	-A-	-A-C-C-A-	-A-T-	1527
02 AG. ES. 06. P1261	-T-C-C-	-G-	-A-T-	-AG-	-A-C-C-A-	-A-T-	1590
02 AG. FR. 91.D3263	-T-C-C-	-A-	-A-T-	-AG-	-A-C-C-A-	-G-A-	1501
02 AG. GH. 03. 03GH181AG	-G-C-C-	-C-	-A-T-	-AG-	-A-C-C-C-	-G-A-	2177
02 AG. LR. x. POC44951	-G-C-C-	-C-	-A-T-	-AG-	-A-C-C-C-	-G-A-	2148
02 AG. NG. x. IBM	-G-C-C-	-C-	-A-T-	-AG-	-A-C-C-C-	-G-A-	1678
02 AG. SN. 98. 98SE.MP1211	-G-C-C-	-C-	-A-T-	-AG-	-A-C-C-C-	-G-A-	1350
02 AG. US. 08. 582. 2696.FL01	-G-C-C-	-A-	-GA-T-	-AG-	-A-C-C-C-	-A-A-	1350
02 AG. US. 08. 582. 2696.FL01	-G-C-C-	-A-	-AG-T-	-AG-	-A-C-C-C-	-A-A-	1349
03 AB. RU. 97. 0220683	-C-T-C-C-	-G-	-GA-T-	-AG-	-A-C-C-C-	-A-A-	1579
04 CPX.CY.94.94YC032_3	-C-T-C-C-	-G-	-GA-G-	-AG-A-	-A-C-C-C-	-A-G-	1522
05 DF.BE.x.VII310	-C-T-C-C-	-G-	-AG-T-	-C-	-A-C-C-C-	-A-G-	1535
06 cpx.AU.96.BFP90	-T-C-C-A	-A-	-A-T-	-AG-	-G-G-A-	-G-G-	2175
07 BC.CN.98.98CN09	-T-C-C-A	-A-	-AT-A-	-C-	-G-C-C-C-	-A-G-	1485
08 BC.CN.98.06.nx2	-T-C-C-A	-A-G-G-A-	-AT-A-	-C-	-G-C-C-C-	-A-G-	2098
09 cpx.GH.96.96GH2911	-T-C-C-A	-A-G-G-A-	-AT-A-	-A-A-	-G-C-C-C-	-G-G-	1358
10 CB.TZ.96.96TZ.FB061	-T-C-C-A	-A-GA-	-A-T-	-A-A-	-C-C-C-	-G-G-	1535
11 cpx.CM.95.95CM.1816	-T-C-C-A	-A-GA-	-A-T-	-AG-	-G-C-A-C-C-A-G-	-G-G-	1523
12 BF.AR.99.ARMA159	-T-C-C-A	-A-	-A-T-	-A-	-G-C-A-C-C-A-G-	-G-G-	2158
13 cpx.CM.96.96CM.1849	-T-C-C-A	-TG-	-A-	-A-A-	-G-C-A-C-G-T-	-G-G-	1549
14 BG.ES.05.X1870	-T-C-C-A	-A-	-GA-T-	-AG-	-G-C-A-C-G-T-	-G-G-	1623
15 BG.ES.05.99.9TH.MU2079	-T-C-C-A	-G-	-GAC-T-	-C-	-G-C-A-C-G-T-	-G-G-	1527
16 BG.KR.97.07740094	-T-C-C-A	-G-	-A-T-	-GC-	-G-C-A-C-A-G-	-A-A-	1506
17 BF.AR.99.ARMA038	-T-C-C-A	-A-	-A-T-	-A-	-G-C-A-C-A-G-	-A-A-	1367
18 cpx.GU.99.CU76	-T-C-C-A	-A-	-A-T-	-A-	-G-C-A-C-A-G-	-A-A-	1464
19 cpx.GU.99.CU7	-T-C-C-A	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-A-C-C-A-G-	-G-G-	1382
20 BG.CU.99.Cu103	-T-C-C-A	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-A-C-C-A-G-	-G-G-	1631
21 A2D.KE.99.KER2003	-G-T-C-C-G-C-A	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-A-C-C-A-G-	-G-G-	1361
22 01A1.CM.01.01CM.0001BBY	-G-T-C-C-G-C-A	-A-	-A-T-	-AG-	-G-C-C-C-G-G-T-	-C-C-	1361
23 BG.CU.03.CB118	-G-T-C-C-G-C-A	-AGGG-	-AT-C-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1608
24 BG.ES.08.X2456_2	-G-T-C-C-T-A	-AGGG-	-AC-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1616
25 cpx.CM.02.1918LE	-G-T-C-C-T-A	-GAT-	-AG-A-	-G-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1364
26 AU.CD.02.02CD.MBTB047	-G-T-C-C-T-A	-GAT-	-C-A-	-G-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	2164
27 cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-G-T-C-C-T-A	-GAT-	-A-T-T-C	-A-A-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	2150
28 BF.BR.99.BREPM12699	-G-T-C-C-T-A	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1519
29 BF.BR.99.BREPM16704	-G-T-C-C-T-A	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1554
30 BF.BR.99.04.Q4BR001	-G-T-C-C-T-A	-G-	-GA-T-	-AG-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1788
32 06A.BE.01.FE0369	-C-T-C-C-	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1454
33 01B.ID.07.JKT189.C	-C-T-C-C-	-A-	-AT-T-	-A-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1355
34 01B.TH.09.OUR2478P	-C-T-C-C-	-A-	-AT-T-	-A-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1356
35 AD.07.169H	-C-T-C-C-	-AAT-A-	-A-T-	-AG-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1358
36 cpx.CM.00.00CMNYU830	-C-T-C-C-	-AAT-A-	-GA-T-	-AG-A-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1349
37 cpx.CM.00.00CMNYU926	-C-T-C-C-	-AAT-A-	-A-T-	-C-A-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1564
38 BF1.UY.03.UY03.3389	-C-T-C-C-	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1630
39 BF.BR.04.04BRRIJ179	-CT-C-C-	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1630
40 BF.BR.05.05BRRJ055	-CT-C-C-	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1636
42 BF.LU.03.1UBF.05.03	-C-T-C-C-	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1681
43 02G.CA.03.J11223	-C-T-C-C-	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1595
44 BF.CL.00.0880	-C-T-C-C-	-A-	-A-T-	-AG-GA-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1595
45 GP.FR.94.04.FR.AUK	-C-T-C-C-	-A-	-A-T-	-AG-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1591
46 BF.BR.07.07BR.FPS625	-C-T-C-C-	-A-	-A-T-	-AG-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1595
48 01B.MY.07.07MYKT021	-C-T-C-C-	-A-	-A-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1358
49 cpx.GM.03.N26677	-C-T-C-C-	-A-	-GA-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1582
51 01B.SG.11.11SG.HM021	-C-T-C-C-	-A-	-GA-T-	-C-	-G-C-C-C-A-G-T-	-G-G-	1360
52 01B.MY.03.03MKU018.1	-C-T-C-C-	-G-	-A-T-	-K-	-G-C-C-C-R-A-C-G-Y-	-G-G-	1467
53 01B.MY.11.11FIR164	-C-T-C-C-	-G-	-A-T-	-A-A-	-G-R-C-C-R-A-C-G-Y-	-G-G-	1493
54 01B.MY.09.09MSB023	-C-T-C-C-	-AAT-	-A-C-	-C-	-G-R-C-C-R-A-C-G-Y-	-G-G-	1555
55 01B.CN.10.HNCIS102056	-C-T-C-C-	-A-	-G-C-G-	-A-	-G-A-C-C-C-A-G-Y-	-G-G-	1463
0.BE.87.ANT70	-T-C-C-A	-GA-AAT-GA-A-	-C-ATA-	-C-GGGGGGCAC-	-G-C-A-G-G-A-C-C-G-	-C-C-	2219
0.CM.91.MVP5180	-T-C-C-A	-GA-AAT-GA-A-	-TA-	-GGGGGGGCAC-	-G-C-A-G-G-A-AACAGT-	-G-G-	2194
0.CM.98.98CMCA104	-T-C-C-A	-GA-AAT-GA-A-	-C-ATA-	-GGGGGGGCAC-	-G-C-A-G-G-A-AACAGT-	-G-G-	1651
0.FR.92.VAU	-T-C-C-A	-GA-AAT-GA-A-	-AA-ATAT-	-GAGAGGGCAC-	-G-C-A-G-G-A-GAACAGT-	-G-G-	1728
0.SN.99.995E.MP1299	-T-C-C-A	-GA-AAT-GA-A-	-ATA-	-GGGGGGGCAC-	-G-C-A-G-G-A-GAACAGT-	-G-G-	2218
0.US.10.LTNP	-T-C-C-A	-GA-AAT-GA-A-	-C-TA-	-GGGGGGGCAC-	-G-C-A-G-A-AACAGT-	-G-G-	2140
0.US.97.97US08692A	-T-C-C-A	-GA-AAT-GA-A-	-AR-A-	-C-ATA-	-GGGGGGGCAC-	-G-C-A-G-A-AACAGT-	1616
N.CM.02.DJ00131	-T-C-C-A	-AA-AAT-AGGA-	-A-GG-T-T-C	-T-C-C-	-G-G-A-C-C-CA-C-A-AAACAGGA	-C-C-	1653
N.CM.04.04CM.1015.04	-T-C-C-A	-AA-AAT-AGGA-	-A-GG-T-T-C	-T-C-C-	-G-G-A-C-C-CA-C-A-AAACAGGA	-C-C-	1643
N.CM.06.014842	-T-C-C-A	-AA-AAT-AGGA-	-C-GG-T-T-C	-T-C-C-	-G-G-A-C-C-CA-C-A-AAACAGGA	-C-C-	1645
N.CM.05.YBF30	-T-C-C-A	-AA-AAT-AGGA-	-G-T-C-C	-T-C-C-	-G-G-A-C-C-CA-C-A-AAACAGGA	-C-C-	1732
N.CM.97.YBF106	-T-C-C-A	-AA-AAT-GGA-M-	-A-GG-T-T-C	-T-C-C-	-G-G-A-C-C-CA-C-A-AAACAGGA	-C-C-	1730
N.FR.11.N1.FR.2011	-T-C-C-A	-AA-AAT-GGA-M-	-A-GG-T-T-C	-T-C-C-	-G-G-A-C-C-CA-C-A-AAACAGGA	-G-A-	1539
P.CM.06.U14788	-T-T-C-C-	-C-C-AA-TCA.GA-A-	-C-GGGGGGCAC-	-G-C-A-G-A-AACAGT-	-C-C-A-G-A-AACAGT-	-C-C-	1633
P.FR.09.RBF168	-T-T-C-C-	-C-C-AA-TCA.GA-A-	-A-T-C-GGGGGGCAC-	-G-C-A-G-A-AACAGT-	-C-C-A-G-A-AACAGT-	-C-C-	2200
CPZ.CD.06.BF1167	-T-T-G-C-C-	-A-CAGTCAAAGA-TGGA-TA-	-ACG-ACC-C-G-G-GGGG-	-G-C-A-G-A-AACAGT-	-C-C-A-G-A-AACAGT-	-C-C-	2240
CPZ.CD.05.SIVcpzMT145	-T-T-G-C-C-	-A-CAGTCAAAGA-TGGA-TA-	-A-A-T-C-GGGG-	-G-C-A-G-A-AACAGT-	-C-C-A-G-A-AACAGT-	-G-A-	1698
CPZ.GA.88.GAB1	-T-T-G-C-C-	-A-GGT-TG-	-GGG-GC-	-G-C-C-G-G-A-A-	-C-C-G-G-A-A-	-G-A-	2220
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	-T-T-G-C-C-	-AGCCAGAACTA-CAAT-CGCG-T-	-ACG-ACC-C-T-G-GGGG-	-G-C-A-G-A-AACAGT-	-C-C-G-G-A-A-	-G-A-	1806
CPZ.US.85.Marilyn	-T-T-G-C-C-	-A-GCA-GAAC-	-ACAT-T-C-C-	-GGGGGGGATCAAAG-A-	-C-C-G-G-A-A-	-G-G-	2219

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.R.FR.83.XHB2		AACAGCCCCACCAAGAAGAGAGCTTCAAGTCCTGGGTTAGA		GACAACAACTCCCTCTAGAACAGGAG	.GCCGAT	.AGA	.CAA	2231
Gag		N S P T R P E E L F R S Q O V W G R E		D N N S P Q K E A G E A D	.P I	.R	.K	
Pol								
A1.AU.03.PS1044 Day0		CG-C-T-G-A-TG-A-A-		A-T-C-T-C-A-C	-	A-A	G	
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538		C-C-T-G-TG-ATG-A-		T-G-C-T-T-GAT	-	A-A	G	1433
A1.ES.06.X2110		C-C-GA-C-TT-ATG-G-		T-A-C-T-T-A	-	A-A	G	2233
A1.IT.02.68009		C-C-TT-GTG-ATG-A-		T-G-CT-T-C	-	AA-A	G	1434
A1.KE.06.06KECst_001		CG-A-A-TG-ATG-A-		T-C-T-C-T-A	-	A-A	G	1434
A1.RU.11.11RU6950		C-C-TT-GG-ATG-A-		T-C-T-C-T-C	-	A-A	G	1752
A1.RW.07.pR463F		C-C-T-TG-ATG-A-T		T-C-T-C-C	-	A-A	G	2243
A1.SE.95.SE8538		AC-C-T-GGG-ATG-G		T-C-T-C-T-C	-	A-A	G	1427
A1.TZ.01.A341		C-C-A-TG-ATG-A-		A-T-GCT-C-C	-	A-A	G	1430
A1.UA.01.01UDAN139		C-C-T-TGC-ATG-A-		T-C-T-C-T-A	-	A-A	G	2267
A1.UG.07.p191845		C-C-G-ATG-ATG-A-		T-C-T-A-A-A	-	A-C	G	1427
A1.ZA.04.04ZAS162B1		AT-G-C-A-G-A-A-		T-C-T-G-T-C	-	A-I-Q	GA	1672
A2.CD.97.97CDKTB48		C-C-A-G-AATG-A-		T-C-T-T-C-T	-	A-T-GA	G	1566
A2.CM.01.01CM1445MV								
A2.CY.94.94CY017_41								
B.AR.04.04AR143170	R	C-C-T-A-AG		G-T-C	-	C		1432
B.AU.09.PS1038 Day174		C-T-A-AR		T-G-T-T-C-TC	-	A-G		1441
B.BO.09.DEMB09B0001		C-T-A		T-C	-	C		1601
B.BR.06.06BR2001		A-T-A-AG		A-T-C	-	A-G		1466
B.BU.01.11BU1 03		T-A-T-A		A-G-C	-	C		1658
B.CH.04.HIV_CH_BID_V4408		T-A-T-A		G-C-T-A-A	-	A-C		1459
B.CN.10.DEMB10CN002		T-A-T-AG		G-C-T-A-A	-	A-C		1585
B.CO.01.PCM001		T-T-AG		G-C-T-A-A	-	A-C		1436
B.CU.99.Cu19		T-T-AG		G-C-T-A-A	-	A-C		1778
B.CY.09.CY266		T-T-A		G-C-T-A-A	-	A-C		1448
B.DE.04.HIV_DE_BID_V4131		T-G-A		G-C-T-A-A	-	A-C		1469
B.DK.07.PMVL_011		T-A-AG		G-C-T-A-A	-	A-C		1593
B.DO.05.05DO_160884		T-C-A		G-C-T-A-A	-	A-C		1439
B.ES.08.P2149_3		G-T-AG		T-G-C-T-A-G	-	A-A		1687
B.FR.08.DEMB08FR002		G-A-T-AG		T-C-T-A-G	-	G		1593
B.GE.03.03GEM004		C-G-T-AG		T-C-T-G	-	T-G		1427
B.HT.05.05HT_129389		T-G-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.JM.05.05JM_KJ108		A-T-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.JP.05.DR6538		A-T-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.KR.01.01KRY4		T-A-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.KR.01.01KRY4		T-A-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.LU.01.11LU21n		T-A-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.TH.07.AA0409a_WG11		T-A-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.TT.01.01TT_CRC50069		T-T-AG		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.TW.94.TWCYS_LM49		A-T-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.UA.01.01UAKV167		A-C		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.US.11.ES38		T-A-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.UY.02.02UW_TSU1290		T-A-G		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.VE.10.DEMB10VE001		G-C-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
B.YE.02.02YE507		A-T-A		T-C-T-G	-	T-G		1452
C.AR.01.ARG4096		C-T-A-A		T-C-T-G	-	T-G		1448
C.BR.07.DEMC07BR003		T-C-A-A		T-C-T-G	-	T-G		1421
C.BW.08.00BW07621		A-T-C-A-A		T-C-T-G	-	T-G		1569
C.CN.98.YNRL8840		T-C-A-A		T-C-A-C	-	A-A		1590
C.CY.09.CY266		T-C-A-A		T-C-AG-C	-	AT-A		1421
C.ES.01.01ES_18_2		A-T-A-AGAG		T-C-G-C	-	Y-A		1653
C.EU.02.02EU_288		T-C-A-A		T-C-G-C	-	T-A		1659
C.GE.03.03GEM0233		AC-A-A		T-C-G-C	-	A-A		1418
C.IL.98.9815002		T-C-A-A		T-C-C-A-C	-	A-A		1583
C.IL.98.03.D24		A-T-TC		T-C-A-T	-	A-A		1882
C.KE.00.KER2010		T-C-A-A		G-C-TTGC	-	T-A		1418
C.MM.99.mIDU101_3		CG-G		C-AG-C	-	A-A		1588
C.MW.93.93MW_965		T-C-A-A		T-C-TG	-	A-A		1421
C.SN.90.90SE_364		T-C-A-A		C-A-C	-	A-A		1409
C.SO.89.89SM_145		T-C-A-A		T-C-G-C	-	T-A		1461
C.TZ.02.C0178		GTCA-CC-GCCAACAGCCCCACCAGCAGAGAGCTTCAGGTCGAG		T-C-G-C	-	A-A		1418
C.US.98.98U_MSC3018		T-C-A-A		T-C-G-C	-	G-G		1418
C.UY.01.TRA3011		T-C-A-A		T-C-T-G	-	T-A		1412
C.YE.02.02YE511		T-C-A-A		T-C-TG-C	-	G-A		1415
C.ZA.10.DEMC10ZA001		T-C-A-A		T-C-AG-C	-	T-A		1577
C.ZM.02.02ZM108		C-A-A		T-C-T-A	-	A-A		2206
D.CD.83.EL1		G-T-A		T-C-T-A-A	-	A-A		1777
D.CM.10.DEMD10CM009		G-T-A		T-C-T-T-A	-	A-A-G		1606
D.CY.06.CY163		G-T-A		T-C-T-T-A	-	A-A-G		1393
D.KE.97.ML415_2		T-G-TC-AG		T-G-A	-	A-G		1421
D.KR.00.00BBH8		T-G-TC-AG		T-G-A	-	A-G		1421
D.SD.90.90FE325		AC-G-T-A-AG		T-G-C-T-A	-	AAGCAGAACAGAGGAGC-GAAAGA		2240
D.TD.99.MNG1		G-T-A-AG		T-G-C-T-A	-	A-A		1454
D.TZ.01.A280		T-G-T-A-AG		T-G-C-T-A	-	A-A		1454
D.UG.08.p191859		T-G-T-A-AG		T-C-T-C-C	-	AA-A		2249
D.YE.02.02YE516		T-G-T-A-AG		T-C-T-C-C	-	AA-A		1454
D.ZA.99.R1		T-G-T-A-AG		T-C-T-A	-	A-A-A		1577
F1.A0.06.A0_06.ANG125		C-G-TCA-A-AG		T-G-C-T-C	-	A-A		1777
F1.AR.02.ARE833		G-TCA-A-AG		T-C-T-C	-	G-G		1522
F1.AR.02.ARE833		G-TCA-A-AG		T-C-T-C	-	G-G		1565
F1.BE.93.V1850		G-TCA-A-AG		T-C-T-C	-	G-G		2009
F1.BR.07.07BRB844		G-TCA-A-AG		T-C-T-C	-	G-G		1421
F1.CY.08.CY222		G-TCAAA-AG		T-C-T-C	-	G-G		1421
F1.ES.11.DEMF110ES001		G-A-TC-C-AG		T-C-T-C	-	G-G		1564
F1.FI.93.FIN9363		C-G-ATCA-A-A		T-C-T-C	-	G-G		1557
F1.FR.96.96FR_MP411		G-TCAAA-AG		T-C-T-C	-	G-G		1429
F1.RO.96.BCI_R07		TG-TCA-A-AG		T-C-T-C	-	G-G		2252
F1.RU.08.D88_845		G-TCA-A-AG		T-C-T-C	-	G-G		1687
F2.CM.10.DEMF210CM007		G-TCA-A-AG		T-C-T-C	-	G-G		1575
F2.CM.97.CM53657		G-TCA-A-AG		T-C-T-C	-	G-G		1418
G.BE.96.DRCB1		C-C-A-G-TC-C-AG		T-G-C-T-C	-	A-A		2095
G.CM.10.DEMG10CM008		C-C-TG-TC-AG		T-G-C-AAC-A	-	A-A		1612
G.CN.08.GX_2084_08		C-C-TG-TC-AG		T-C-T-C-A	-	G-G		1471
G.CU.99.Cu74		C-C-TG-TC-AG		T-C-T-C-C	-	G-G		1847
G.ES.09.X2834_2		C-C-TG-TC-AG		T-C-T-C-T-C	-	G-G		1414
G.GH.03.03GH1756		C-C-TG-TC-AG		T-C-T-C-G	-	G-G		2268
G.RE.99.AR8793_12_1		C-C-TG-TC-AG		A-T-G-C-T-C-C	-	A-A		1423
G.NG.09.09NG_SC62		C-C-TG-TC-AG		A-T-G-C-T-C-C	-	A-A		1423

B.FR.83.HXB2AACAGCCCCACCAAGAAGAGAGCTTCAGGTCTGGGGTAGA,.....GACAACAATCCCTCTCGAAGCAGGA.....GCCGAT.....AGA.....CAA.....2231
GagT A P P E F E S F R S G V E,.....D N T T P P O K Q E P I R,.....AGA D CAA K 0,.....
PolN S P T R P E L O W G R,.....G C T C C A D A G R,.....G G,.....
G.PT.x.PT3306T-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1634
G.SE.93.SE6165_G6165C-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1623
H.BE.93.VT991C-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1581
H.CP.90.V997C-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1752
H.GB.90.GBAC4001C-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1426
J.CD.97.J.97DC.KTB147C-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1573
J.CM.94.94CMU11421C-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1546
J.SE.93.SE9280_7887C-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1546
J.SE.94.SE9173_7022C-C-G-T-A-G-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1546
K.CD.97.97ZR.EQTBI11C-C-T-T-G-A-A-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1424
K.CM.96.96CM.MPS535C-C-T-T-G-A-A-,.....I G C T C C A T A G,.....G G,.....A 1424
01 AE_AF.07.569nG-C-C-G-GG-ATG-A-,.....T C T T A T A A A A,.....A A A A,.....A 1434
01 AE_CN.09.1119G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....T C T T A T A A A A,.....A A A A,.....A 1462
01 AE_HK.04.HK001G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....T C T T A T A A A A,.....A A A A,.....A 1590
01 AE_LP.DM.002G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....T C T T A T A A A A,.....A A A A,.....A 2000
01 AE_TH.04.BKMG-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2183
01 AE_TH.09.AA111a_WG11G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1649
01 AE_TH.09.CM240G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1802
01 AE_VN.98.98VNND15G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1483
02 AG_CM.08.DE00208BCM001G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1599
02 AG_ES.06.P1261G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1665
02 AG_FR.91.D3263G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1576
02 AG_GH.03.03GH181AGG-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2252
02 AG_LR.x.POC44951G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2223
02 AG_NG.x.IBMG-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1753
02 AG_SN.98.98SE.MP1211G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1425
02 AG_US.08.582_2006_FL01G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1425
02 AG_UL.02.02Z0683G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1488
03 AB_RU.97.97AL153_2G-C-A-A-GG-ATG-A-,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1554
04_Cpx_CY.94.94CY032_3G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1597
05_DF_BE_x.VII310G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1610
06_cpx_AU.96.BFP90G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2259
07_BC_CN.98.98CN09G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1563
08_BC_CN.06.nx2G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2171
09_cpx_GH.96.96GH2911G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1430
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1610
11_cpx_CM.95.95CM.1816G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1595
12_BF.AR.99.ARMA159G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2233
13_cpx_CM.96.96CM.1849G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1636
14_BG_ES.05.X1870G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1698
15_BI_BI.99.99.MU2079G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1677
16_BI_KR.97.97KR0004G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1591
17_BF.AR.99.ARMA038G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1442
18_cpx CU.99.CU76G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1539
19_cpx CU.99.CU7G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1457
20_BG_CU.99.Cu103G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1706
21_A2D KE.99.KER2003G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1436
22_01A1_CM.01.01CM_0001BBYG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1683
23_BG CU.03.CB118G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1691
24_BG_ES.08.X2456_2G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1439
25_cpx_CM.02.1919LE_2G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2236
26_AU_CD.02.02CD.MBTB047G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2225
27_cpx_FR.04.04CD.FR_KZSG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1524
28_BF_BR.99.BREPM12699G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1629
29_BF_BR.99.BREPM16704G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1709
31_BF_BR.04.04BR0000G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1866
32_BF_BR.04.EE0369G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1532
33_01B_ID.07.JKT189_CG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1433
34_01B_TH.99.OUR2478PG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1433
35_AD_AF.07.169HG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1433
36_cpx_CM.00.00CMNYU830G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1418
37_cpx_CM.00.00CMNYU926G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1651
38_BF1_UY.03.UY03_3389G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1708
39_BF_BR.04.04BRJ179G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1711
40_BF_BR.05.05BRRJ055G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1766
42_BF_LU.03.LUBF_05_03G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1756
43_02G_SA.03.J11223G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1670
44_BF_CL.00.00B80G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1620
45_BP_FR.94.04FR_AUKG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1656
46_BF_BR.07.07BR_FPS25G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1667
47_BF_BR.08.P1942G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1436
48_01B_MY.07.07MYKT021G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1654
49_cpx_GM.03.N26677G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1438
51_01B_SG.11.11SG_HM021G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1542
52_01B_MY.03.03MYKL018_1G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1571
53_01B_MY.11.11FIR164G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1633
54_01B_MY.09.09MYSB023G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1538
55_01B_CN.10.HNC102056G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1418
0.BE.87.ANT70G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1651
0.CM.91.MVP5180G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1708
0.CM.98.98CMCA104G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1711
0.FR.92.VAUG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1766
0.SN.99.995E_MP1299G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1756
0.US.10.LTNPG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1670
0.US.97.97US08692AG-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1682
N.CM.02.DJ00131G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1682
N.CM.04.04CM.1015_04G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1734
N.CM.06.014842G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1734
N.CM.95.YBF30G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1735
N.CM.97.YBF106G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1822
N.FR.11.N1.FR.2011G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1820
P.CM.06.U14788G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1629
P.FR.09.RBF168G-C-CG-AT-A-GA-AGGAAA-AG,.....A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2266
CPZ_CD.06.BF1167TCAGA_T-AGAACTC_G-ACAGACTCA_GACACAG-A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2341
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145TCAGA_T-AGAACTC_G-ACAGACTCA_GACACAG-A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1773
CPZ_GA.88.GAB1TCAGA_T-AGAACTC_G-ACAGACTCA_GACACAG-A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2292
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13TCAGA_T-AGAACTC_G-ACAGACTCA_GACACAG-A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 1881
CPZ_US.85.US_MarilynTCAGA_T-AGAACTC_G-ACAGACTCA_GACACAG-A C T T A A T A A A A,.....A A A A,.....A 2291

B.FR.83.XHB2	Gag-Pol TF end Pol protease start		Gag end		Gag p6 end		2394
A1.AU.03.PS1044 Day0	.G	G	T	C	T	T	
A1.CH.03.HIV CH BID V3538	E	F	N	P	L	S	
A1.E5.06.X2110	L	T	S	R	S	L	
A1.II.02.60000	V	O	F	D	N	D	
A1.KE.06.06KEcst 001	T	W	Q	R	P	L	
A1.RU.11.1IRU6950	I	L	W	R	T	K	
A1.RW.07.pr463F	W	Q	R	R	L	I	
A1.SE.95.SE8538	R	R	R	R	R	G	
A1.TZ.01.A341	G	G	G	G	G	G	
A1.UA.01.01UADN139	C	C	C	C	C	C	
A1.UG.07.191845	G	G	G	G	G	G	
A1.ZR.04.01SK162B1	A	A	A	A	A	A	
A2.CD.95.97CDK18	G	G	G	G	G	G	
A2.CM.91.01CM 1445MV	C	C	C	C	C	C	
A2.CY.94.94CY017 41	A	A	A	A	A	A	
B.AR.04.04AR143170	G	G	G	G	G	G	
B1.AU.04.PS1044 Day174	A	A	A	A	A	A	
B1.BD.09.DEMB09B0001	G	G	G	G	G	G	
B1.BR.06.06BR1119	C	C	C	C	C	C	
B1.CA.07.502 1191 03	A	A	A	A	A	A	
B1.CH.04.HIV CH BID V4408	G	G	G	G	G	G	
B1.CN.10.DEMB10CN002	C	C	C	C	C	C	
B1.CO.01.PCM001	C	C	C	C	C	C	
B1.CU.99.Cu19	G	G	G	G	G	G	
B1.CY.09.CY266	C	C	C	C	C	C	
B1.DE.04.HIV DE BID V4131	G	G	G	G	G	G	
B1.DK.07.PMV1 011	A	A	A	A	A	A	
B1.DO.05.05DO 160884	C	C	C	C	C	C	
B1.ES.09.P2149 3	G	G	G	G	G	G	
B1.FR.08.DEMB08FR002	T	T	T	T	T	T	
B1.GE.03.03GMZ004	C	C	C	C	C	C	
B1.JM.05.05JM 108	G	G	G	G	G	G	
B1.JP.05.DR6538	A	A	A	A	A	A	
B1.KR.07.07KY4	G	G	G	G	G	G	
B1.NL.00.671 00T36	A	A	A	A	A	A	
B1.PE.07.502 2649 w08	C	C	C	C	C	C	
B1.PY.03.03PY PSP0115	G	G	G	G	G	G	
B1.RU.11.11RU21n	A	A	A	A	A	A	
B1.TH.07.AA040a WG11	G	G	G	G	G	G	
B1.TT.01.01TT CRC50069	T	T	T	T	T	T	
B1.TW.94.TWCYS LM49	C	C	C	C	C	C	
B1.UA.01.01UAKV167	G	G	G	G	G	G	
B1.US.01.ES38	C	C	C	C	C	C	
B1.UT.01.01UT TSU290	G	G	G	G	G	G	
B1.VE.10.DEMB10E001	A	A	A	A	A	A	
B1.YE.02.02YE507	G	G	G	G	G	G	
C.AR.01.AR4G006	A	A	A	A	A	A	
C.BR.01.DEMB07BR003	G	G	G	G	G	G	
C.CN.00.00BVW97621	A	A	A	A	A	A	
C.CN.09.VNRL9940	C	C	C	C	C	C	
C.CY.09.CY266	G	G	G	G	G	G	
C.E5.07.X2118 2	A	A	A	A	A	A	
C.ET.02.02ET 288	G	G	G	G	G	G	
C.GE.03.03GMZ033	A	A	A	A	A	A	
C.IL.98.98IS002	CC	CC	CC	CC	CC	CC	
C.IN.03.D24	A	A	A	A	A	A	
C.KE.00.KER2010	A	A	A	A	A	A	
C.MM.99.mIDU101 3	G	G	G	G	G	G	
C.MW.93.93MW 965	C	C	C	C	C	C	
C.SN.90.90SE 364	A	A	A	A	A	A	
C.SO.89.89SM 145	G	G	G	G	G	G	
C.TZ.02.C0178	A	A	A	A	A	A	
C.US.98.98MSC3018	G	G	G	G	G	G	
C.YE.02.02YE511	A	A	A	A	A	A	
C.ZA.10.DEMC10ZA001	C	C	C	C	C	C	
C.ZM.02.02ZM108	A	A	A	A	A	A	
D.CD.83.ELT	G	G	G	G	G	G	
D.CM.10.DEMD10CM009	AA	AA	AA	AA	AA	AA	
D.CY.06.CY163	C	C	C	C	C	C	
D.KE.97.ML415 2	A	A	A	A	A	A	
D.KR.04.04KBH8	G	G	G	G	G	G	
D.SN.90.SE365	G	G	G	G	G	G	
D.TD.99.MN011	A	A	A	A	A	A	
D.TZ.01.A280	G	G	G	G	G	G	
D.UG.08.p191859	C	C	C	C	C	C	
D.YE.02.02YE516	A	A	A	A	A	A	
D.ZA.90.R1	G	G	G	G	G	G	
F1.A0.06.A0 06 ANG125	AA	AA	AA	AA	AA	AA	
F1.AR.02.ARE933	G	G	G	G	G	G	
F1.BE.93.V1850	C	C	C	C	C	C	
F1.FR.07.07BR844	T	T	T	T	T	T	
F1.CY.08.CY222	G	G	G	G	G	G	
F1.ES.11.DEMF110FS001	GG	GG	GG	GG	GG	GG	
F1.FI.93.F939565	G	G	G	G	G	G	
F1.FR.96.06MP411	A	A	A	A	A	A	
F1.FR.96.BCT R07	G	G	G	G	G	G	
F1.FR.98.D88 845	T	T	T	T	T	T	
F2.CM.10.DEMF210CM007	G	G	G	G	G	G	
F2.CM.97.CMS3657	A	A	A	A	A	A	
G.BE.06.DRCBL	G	G	G	G	G	G	
G.CM.10.DEMG10CM008	G	G	G	G	G	G	
G.CN.08.GX 2084 08	GG	GG	GG	GG	GG	GG	
G.CU.99.Cu74	A	A	A	A	A	A	
G.E5.09.X2634 2	C	C	C	C	C	C	
G.GH.03.03GHM175G	G	G	G	G	G	G	
G.KE.93.HH8793 12 1	GA	GA	GA	GA	GA	GA	
G.NG.09.09NG SC62	G	G	G	G	G	G	

	Gag-Pol TF end	Gag end	Gag p6 end	Pol protease start
B.FR.83.HXB2	.GGAAGTGTAACTTCCTCAGGACTCTTGCAACGACCCGCTGCACATAAGATAGGGGGCAACTAAAGGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCATGATACTAGTTAGAAGAAATGAGTTGCCAGGAAGATGAAACAAAAATGATAG	2394		
Gag	.E-T-Y-S-F-N-T-S-P-L-Q-R-V-T-L-W-Q-R-P-L-P-S-V-S-Q*			
Pol	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
G.PT.X.PT3306	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
G.SE.93.SE6165_G6165	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
H.BE.93.VT991	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
H.CP.90.VI997	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
H.GB.90.GBAC4001	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
J.CD.97.J.97DC.KTB147	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
J.CM.94.04CMU1421	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
J.SE.93.SE9288_7887	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
J.SE.94.SE9173_7022	.G-A-A-TCC-C-G-C-AA-G-A-G-A-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
K.CD.97.97ZK.EQTB11	.A-GTCCC-A-G-T-G-A-G-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
K.CM.96.96CM.MPS535	.A-AGCCC-AA-G-T-G-A-G-A-G-TA-C-C-T-G-C-C-			
01.AE.AF.07.569N	.ATCTTCC-AC-GT-AA-T-C-G-A-A-A-A-GA-A-			
01.AE.CN.09.1119	.GT-ATCTTCC-C-T-AA-T-C-G-A-A-A-A-GA-GA-			
01.AE.HK.04.HK001	.ACCTTTC-C-TC-AA-T-C-G-A-A-A-A-GA-GA-			
01.AE.HP.D.04.D002	.ATCTTCC-G-AA-T-C-G-A-A-A-A-GA-GA-T-			
01.AE.TH.04.BKM	.ATCTTCC-C-TC-AA-T-C-G-A-A-A-A-GA-GA-T-			
01.AE.TH.09.A111a.WG11	.ATCTTCC-C-GT-AA-T-C-G-A-A-A-A-GA-GA-T-			
01.AE.TH.09.CM240	.ATCTTCC-C-GT-AA-T-C-G-A-A-A-A-GA-GA-T-			
01.AE.VN.98.98VNND15	.ATCTTCC-C-T-AA-T-C-G-G-A-A-A-T-TA-C-			
02.AG.CM.08.DE00208CM001	.G-A-A-TCC-C-C-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-T-C-C-			
02.AG.ES.06.P1251	.G-A-A-TCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-T-C-C-			
02.AG.FR.91.D3263	.G-A-A-TCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-T-C-C-			
02.AG.GH.03.03GH181AG	.G-A-A-TCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-TA-C-C-			
02.AG.LR.x.POC44951	.G-G-A-TCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-TA-C-C-			
02.AG.NG.x.IBN	.G-G-A-TCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-TA-C-C-			
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	.G-G-A-CCC-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-TAA-C-C-A-			
02.AG.US.08.582.2696.FL01	.A-G-A-TCC-C-T-C-AA-T-C-G-C-A-A-A-G-T-C-C-C-			
02.BF.U.02.0270683	.GG-A-TCC-C-T-C-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-TA-C-C-			
03.AB.RU.97.00AL153_2	.A-C-TCC-C-T-C-AA-T-C-G-G-A-A-A-G-T-TA-C-C-			
04.Cpx.CY.94.94CY032_3	.G-A-C-C-C-C-G-AA-T-C-G-G-A-C-G-T-			
05.DF.BE.x.VII310	.G-G-A-C-C-C-C-G-C-AA-T-C-G-G-A-C-G-T-			
06.Cpx.AU.96.BFP90	.GG-A-C-A-G-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
07.BC.CN.98.98CN009	.G-G-A-C-A-G-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
08.BC.CN.98.06.nx2	.G-G-A-C-A-G-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
09.Cpx.GH.96.96GH2911	.R-CCCCC-AA-C-RT-AA-T-C-G-A-A-A-T-C-G-C-G-			
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	.G-C-C-C-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-T-			
11.Cpx.CM.95.95CM.1816	.G-A-C-G-AA-T-C-G-G-A-C-G-G-GA-A-G-T-			
12.BF.AR.99.ARMA159	.G-A-C-CCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
13.Cpx.CM.96.96CM.1849	.GACA-C-G-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
14.BG.ES.05.X1870	.G-A-C-G-C-C-G-C-AA-T-C-G-G-A-C-G-T-			
15.BG.ES.05.99.99TH.MU2079	.ATACTCC-GT-AA-T-C-G-A-A-A-G-G-A-C-G-T-			
16.BF.KR.97.07740094	.AAC-CAC-GC-T-AA-T-C-G-A-A-A-G-G-A-C-G-T-			
17.BF.AR.99.ARMA038	.G-C-C-CCC-C-T-AA-T-C-G-A-A-G-T-			
18.Cpx.GU.99.CU76	.A-TA-C-G-C-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
19.Cpx.GU.99.CU7	.G-C-T-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
20.BG.CU.99.Cu103	.G-C-TC-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
21.A2D.KE.09.KER2003	.C-C-GT-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-G-			
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY	.A-CCTCC-GT-AA-T-T-A-A-A-G-A-A-T-C-G-			
23.BG.CU.03.CB118	.C-TC-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
24.BG.ES.08.X2456_2	.C-TC-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
25.Cpx.CM.02.1918LE	.A-GG-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	.AC-GTCTCC-C-T-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
27.Cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	.C-GT-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
28.BF.BR.99.BREPM12609	.G-GA-C-CCC-C-G-C-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
29.BF.BR.04.BRPM16704	.GGAA-C-CCC-C-G-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
31.BF.BR.04.04BRB0005	.G-A-C-CCC-A-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
32.BF.BR.01.EE0369	.G-A-C-C-G-G-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
33.01B.ID.07.JKT189_C	.G-A-C-G-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
34.01B.TH.09.OUR2478P	.G-A-C-G-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
35.AD.AF.07.169N	.GT-C-C-G-AA-T-C-G-G-A-G-T-TA-C-C-C-			
36.Cpx.CM.00.00CMNYU830	.G-A-TCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
37.Cpx.CM.00.00CMNYU926	.A-C-CCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
38.BF1.UY.03.UY03_3389	.G-A-C-CCC-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-TA-C-C-C-			
39.BF.BR.04.04BRJ179	.A-C-C-G-C-A-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
40.BF.BR.05.05BRRJ055	.G-C-TCC-C-C-A-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
42.BF.LU.03.U1BF.05.03	.GT-C-CCC-C-A-G-C-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
43.02G.SA.03.J11223	.TCACC-A-G-C-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
44.BF.CL.00.00.080	.G-AA-C-CCC-C-TG-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
45.GP.FR.94.04FR.AUK	.G-G-GTAA-C-G-C-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
47.BF.BR.07.07BR.FPS625	.C-C-G-CCC-C-G-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
48.01B.MY.07.07MYKT021	.C-C-TCC-C-G-C-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
49.Cpx.GM.03.N26677	.G-C-G-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
51.01B.SG.11.11SG.HM021	.A-C-G-C-G-AA-T-C-G-G-A-A-G-T-			
52.01B.MY.03.03MKYL018_1	.T-CTCTTCC-C-GT-AA-T-T-T-G-A-G-A-G-G-GA-			
53.01B.MY.11.11FIR164	.G-A-A-T-C-G-G-G-A-A-G-T-			
54.01B.MY.09.09MSB023	.G-A-G-T-G-G-AA-A-A-G-T-			
55.01B.CN.10.HNCIS102056	.G-GT-GT-AA-A-A-G-T-			
56.BE.87.ANT70	.G-GT-G-G-AA-A-A-G-T-			
0.CM.91.MVP5180	.C-G-C-C-A-T-G-C-AA-C-G-C-T-G-T-G-C-G-G-			
0.CM.98.98CMCA104	.A-G-C-C-A-T-G-C-AA-C-G-C-T-G-T-G-C-G-G-			
0.FR.92.VAU	.C-G-C-C-A-T-G-C-AA-C-G-C-T-G-T-G-C-G-G-			
0.SN.99.995E.MP1299	.C-G-C-C-A-T-G-C-AA-C-G-C-T-G-T-G-C-G-G-			
0.US.10.LTNP	.C-G-C-C-A-T-G-C-AA-C-G-C-T-G-T-G-C-G-G-			
0.US.97.97US08692A	.C-G-C-A-T-G-C-G-G-G-A-R-C-T-G-T-G-C-G-G-			
N.CM.02.DJ00131	.CTCT-A-CCC-A-C-A-T-G-C-G-G-T-C-T-G-C-G-C-			
N.CM.04.04CM.1015.04	.CTCT-A-CCC-A-C-A-T-G-C-G-G-T-C-T-G-C-G-C-			
N.CM.06.014842	.CTCT-A-CCC-A-C-A-T-G-C-G-G-T-C-T-G-C-G-C-			
N.CM.95.YBF30	.CTCT-A-CCC-A-C-A-T-G-C-G-G-T-C-T-G-C-G-C-			
N.CM.97.YBF106	.CTCT-A-CCC-A-C-A-T-G-C-G-G-T-C-T-G-C-G-C-			
N.FR.11.NI.FR.2011	.CTCT-A-CCC-A-C-A-T-G-C-G-G-T-C-T-G-C-G-C-			
P.CM.06.014788	.A-GA-TGTA-C-G-C-AA-GA-A-G-T-			
P.FR.09.RBF168	.GGAA-C-G-C-AA-GA-A-G-G-T-			
CPZ.CD.06.BF1167	.A-TGGC-T-G-AA-GA-GA-GA-G-CAG-GCA-A-G-C-G-C-			
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	.A-GG-C-C-C-AA-GA-GG-G-C-GAG-TCAA-A-T-CGTC-			
CPZ.GA.88.GAB1	.A-GG-T-C-C-AA-G-A-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-			
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	.A-GG-C-C-T-C-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-			
CPZ.US.85.US.Marilyn	.A-GC-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-G-			

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

B.FR.83.HXB2	CCTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTGCATTACCATACCTAGTAAACAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTGCTCCACAGGGATGGAAGGATACCAAGCAATTCCAAGTAGCATGACAAAATCTTAGAGGCCCTTAGAAAACAAAAT	3074
Pol	P L D E D F R K Y T A F T I P S I N N E T P G I R Y Q Y N V L P Q G W K G S P A I F Q S S M T K I L E P F R K O N	
A1.AU.03.PS1044 Day0	-T-----A-T-A-----G-C-----C-----A-C-G-----A-----A-----G-----C-----C-A-----GC-A-----	2282
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	-T-C-GAG-----G-C-----G-C-----A-C-G-----T-----G-----A-----G-----C-C-G-----C-----C-G-----	2379
A1.ES.06.X2116	-T-----A-T-A-----G-C-----C-T-----Y-----Y-----T-----G-----C-----G-----C-----C-----	2312
A1.IT.02.607000	-T-----RG-Y-R-----C-T-----Y-----Y-----T-----G-----C-----G-----G-----G-----Y-----TM-----	3079
A1.KE.06.06KEst 001	-T-----C-AG-T-A-----C-T-----A-C-T-----AG-C-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----	2598
A1.RU.11.1IRU6950	-T-----AG-A-----A-----C-T-----A-A-----C-----A-C-G-----A-----C-----G-----G-----G-----	3089
A1.RW.07.pr463F	-T-----A-----A-----G-C-----C-C-----A-C-G-----A-C-G-----G-----G-----G-----G-----	2273
A1.SE.95.S8538	-T-----GAG-T-----C-G-C-----C-C-----A-C-G-----A-C-G-----G-----GT-G-----G-----G-----	2276
A1.TZ.01.A341	-G-----T-----A-----A-----G-C-----C-----A-C-G-----A-C-G-----A-----T-----G-----G-----	2273
A1.UA.01.01UADN139	-T-----A-----A-----C-T-----A-----C-----A-C-G-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----	2273
A1.UG.07.p191845	-T-----AG-T-A-----G-C-----C-----A-----A-----A-G-----A-----G-----G-----G-----G-----	3110
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-T-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-C-----A-----G-----G-----G-----G-----	2515
A2.CD.97.DEMB1K848	--C-C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----	2412
A2.CM.01.01CM.1445MV	--C-T-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-G-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----	2413
A2.CY.94.94CY017_41	--C-----A-----A-----C-----CC-----A-----AG-G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----	2431
B.AR.04.04AR143170	-----AG-----Y-----C-----R-----G-----T-----G-----G-----G-----C-----C-----GC-A-----	2275
B.AU.04.PS1038 Day174	-----A-----A-----Y-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----	2285
B.BR.06.06MB0061	-----C-----T-----C-----GC-T-----A-----C-----A-----G-----G-----TA-----GC-----A-----	2491
B.CA.07.5021119_03	-----CT-----A-----C-T-----GC-----A-----G-----A-----A-----T-----TA-----GC-----A-----	2501
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408	-----A-----A-----C-T-----GC-----A-----G-----A-----A-----T-----TA-----GC-----A-----	2300
B.CN.10.DEMB10CN002	-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----T-----TA-----GC-----A-----	2446
B.CO.01.PCM001	-----T-----A-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----T-----	2279
B.CU.09.Cu19	-----A-----A-----A-----C-----C-----A-C-G-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----	2621
B.CY.09.CY266	--C-----CCC-----A-----A-----C-T-----C-----A-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----	2291
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131	-----T-----C-----C-----GC-----A-----G-----C-----T-----TA-----G-----C-----C-----	2312
B.DK.07.PMV1 011	-----C-----A-----R-----C-----T-----G-----G-----G-----C-----G-----G-----G-----	2439
B.DO.05.05DO 160884	-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----	2285
B.ES.09.P2149 3	-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----	2530
B.FR.08.DEMB08FR002	-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----C-----C-----C-----R-----	2436
B.GE.03.03GEM2004	-----A-----A-----A-----Y-----C-T-----A-----G-----T-----G-----K-W-----G-----TA-----G-----	2270
B.BR.05.05BR00129389	-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----Y-----G-----W-----G-----TA-----G-----C-----	2582
B.JM.05.05JM.KJ108	-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----Y-----G-----W-----G-----TA-----G-----C-----	3078
B.JP.05.DR6538	-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----T-----	2740
B.KR.07.07KY4	-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----G-----T-----	2639
B.NL.00.671_00T36	-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----	2495
B.PE.07.5022649_w08	-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----C-----G-----	2282
B.PY.03.03PY PSP0115	-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----	2645
B.RU.11.1IRU21n	-----CC-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----A-----T-----A-----	2426
B.TH.07.AA040a.WG11	-----T-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----TC-----G-----R-----	2294
B.TT.01.01TT.CRC50069	-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----	3073
B.TW.94.TWCYS LM49	-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----T-----	2300
B.UA.01.01UAUKV167	-----CA-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----	3009
B.US.02.ES38	-----TG-----AG-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----G-----G-----T-----	2606
B.UY.02.02UY TSU1290	-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----A-----	2426
B.UB.10.DEMB10VE001	-----T-----A-----T-----A-----C-----T-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----	2391
B.YE.02.02YE507	-----CA-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----	2258
C.AR.01.ARG4086	-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----T-----G-----T-----G-----G-----Y-----A-----C-----GGC-----	2258
C.BR.07.DEMB07BR003	-----T-----C-----AG-----T-----A-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----T-----GGC-----	2266
C.BW.00.00BW00621	-----TC-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----C-----GGC-----	2427
C.CN.08.08YTRL9840	-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----G-----GGC-----	2558
C.CY.09.CY260	-----T-----T-----R-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----GT-----G-----G-----GC-----	2397
C.ES.07.X2118_2	-----T-----AG-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----A-----T-----GT-----G-----G-----G-----	2490
C.ET.02.02ET.288	-----T-----AG-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----	2276
C.GE.03.03GEM2033	-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----A-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----	2255
C.IL.98.98ILIS002	-----T-----GAG-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----C-----GGC-----	2408
C.IN.03.D24	-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----C-----GC-----	3110
C.KE.02.KER2010	-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----C-----GC-----A-----G-----	2255
C.MM.99.mIDU101_3	-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----GGC-----	2425
C.MW.93.93MW.965	-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----C-----G-----G-----G-----GGC-----	2261
C.SN.90.90SE.364	-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----G-----G-----C-----GGC-----	2243
C.SO.89.89SM.145	-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----G-----GC-----A-----	2295
C.TZ.02.02TZ001	-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----G-----GGC-----	2255
C.UV.00.0089UC MSC3018	-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----T-----TC-----C-----GGC-----	2259
C.UV.01.TRA3011	-----T-----A-----T-----A-----C-----C-----A-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----T-----TC-----C-----GGC-----	2246
C.YE.02.02YE511	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----GC-----	2349
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----GC-----	2414
C.ZM.02.02ZM108	-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----G-----GT-----G-----C-----G-----C-----A-----C-----3043	2420
D.CD.83.ELI	-----A-----T-----T-----A-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----G-----G-----	2620
D.CM.10.DEMD10CM009	-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----G-----G-----	2449
D.CY.06.CY163	-----A-----T-----T-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----	2282
D.KE.97.ML415_2	-----C-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----	2540
D.KR.04.04KBH8	-----C-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----AG-----A-----C-----C-----C-----A-----	3033
D.SN.90.SE365	-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----AG-----C-----C-----TA-----	3091
D.TD.99.MN011	-----C-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----	2298
D.TZ.01.A280	-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----C-----	2275
D.UG.08.p191859	-----T-----A-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----	3092
D.YE.02.02YE516	-----T-----AGT-----T-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----T-----C-----	2285
D.ZA.00.R1	-----TG-----T-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----	2420
F1.A0.06.A0_06.ANG125	-----A-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----C-----A-----	2177
F1.AR.02.ARE933	-----G-----T-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----C-----A-----	2368
F1.BE.93.VI850	-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----TGA-----C-----C-----A-----	2411
F1.BR.07.07BR844	-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----A-----	2855
F1.CS.08.08CS001	-----T-----A-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----	2077
F1.FS.07.DEMF110E5001	-----T-----A-----G-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----G-----GC-----A-----	2410
F1.FI.93.FIN9363	-----A-----T-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----AG-----	2403
F1.FR.96.96FR.MP411	-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----TAC-----T-----T-----A-----C-----C-----AG-----	2276
F1.RO.96.BCI1R07	-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----G-----TAC-----T-----T-----A-----C-----C-----AG-----	3098
F1.RU.08.D88.845	-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----C-----C-----Y-----A-----C-----A-----G-----TC-----T-----A-----C-----C-----A-----	2533
F2.CM.10.DEMF210CM007	-----T-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----GC-----A-----	2421
F2.CM.97.CM53657	-----A-----G-----G-----C-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----GT-----A-----	2264
G.BE.96.DRCBL	-----T-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----C-----C-----	3031
G.CM.10.DEMG10CM008	-----T-----AGT-----T-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T-----T-----GT-----G-----G-----GA-----	2455
G.CN.08.GX_2084_08	-----A-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----R-----A-----R-----T-----A-----R-----G-----R-----A-----T-----A-----	2314
G.CU.99.Cu74	-----A-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----T-----G-----C-----T-----A-----C-----	2678
G.ES.09.X2634_2	-----A-----G-----T-----A-----A-----C-----T-----T-----C-----A-----C-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----T-----A-----	2557
G.GH.03.03GH175G	-----AGT-----T-----A-----A-----C-----T-----C-----T-----A-----C-----A-----C-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----	3114
G.KE.93.HH8793.12_1	-----A-----G-----T-----A-----A-----C-----T-----T-----C-----A-----C-----A-----C-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----	2475
G.NG.09.09NG_SC62	-----A-----T-----A-----A-----C-----T-----T-----C-----A-----C-----A-----C-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----	2266

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

F.R.83.HXB2	CCTTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTGCATTACCATACCTAGTATAAAACAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTGCTTCCACAGGGATGAAAGGATCACCGCAATATTCCAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCTTTAGAAAACAAAT	3074
G.PT.x.PT3306	P L D E D F R K Y T A F T I P S N E T P G I R Y Q Y N V L P O G W K G S P A I F Q S S M T K I L E P F R K Q N	
G.S.E.93.SE6165_G6165	- - - - - A G - T - A - - - - - C - T - - - - - T - T - - - - - A - - - - - G - - - - -	3014
H.BE.93.VI991	- - - - - T - C - - - - - C - - - - - C - - - - - T - T - - - - - T - - - - -	2471
H.BE.93.VI997	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - T - - - - - T - - - - -	2593
H.CF.90.056	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - T - - - - - T - - - - -	2421
H.GB.00.00GBAC4001	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - T - - - - -	2592
J.CD.97.1_97DC_KTB147	- - - - - T - T - - - - - C - - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - -	2268
J.CM.04.04CMU11421	- - - - - T - - - - - R - - - - - C - - - - - C - - - - - RR - C - - - - -	2580
J.SE.93.SE9280_7887	- - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - -	2580
J.SE.94.SE9173_7022	- - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - C - - - - -	2389
K.CD.97.97ZR_E0TB11	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - T - - - - - A - - - - -	2270
K.CM.96.96CM'PS535	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - T - - - - - A - - - - -	2270
01.AE.AF.07.569M	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - -	2280
01.AE.CN.09.1119	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - -	2308
01.AE.HK.04.HK001	- - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - G - - - - -	2436
01.AE.JP.x.DR0492	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - G - - - - -	3086
01.AE.TH.04.BKM	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - -	3026
01.AE.TH.09.CM240	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - -	2495
01.AE.VN.98.98VNNND15	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - -	2648
02.AG.CM.08.0E00208CM001	- - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - T - - - - -	2445
02.AG.ER.06.0E00208CM001	- - - - - G - A - - - - - A - - - - - C - - - - - KG - T - - - - -	2422
02.AG.FR.91.D2563	- - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - G - C - T - - - - -	3098
02.AG.GH.03.03GH181AG	- - - - - TC - A - - - - - A - - - - - C - - - - - G - G - T - - - - -	3069
02.AG.NG.X.IBNG	- - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - G - G - T - - - - -	2599
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	- - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - G - G - T - - - - -	2271
02.AG.US.06.502_2696_FL01	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - G - T - - - - -	2264
03.AB.RU.97.KAL153_2	- - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - G - G - T - - - - -	2500
04.cpx.CY.94.94CY032_3	- - - - - CC - G - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - -	2440
05.DF.BE.x.VI1310	- - - - - A - G - A - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - -	2456
06.cpx.AU.96.BFP90	- - - - - C - T - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - -	3102
07.BC.CN.98.98CN009	- - - - - T - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - -	2406
08.BC.CN.06.nx2	- - - - - T - A - - - - - C - - - - - G - T - T - - - - -	3008
09.CDX.GH.96.96GH2011	- - - - - T - A - - - - - C - - - - - G - C - T - - - - -	2456
10.CDX.GH.96.96GH2011	- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - G - T - - - - -	2456
11.CDX.GH.95.95CM'1816	- - - - - TC - A - - - - - A - - - - - C - - - - - G - T - T - - - - -	3079
12.BF.AR.99.ARMA150	- - - - - G - CT - C - - - - - T - G - C - - - - - A - - - - -	2454
13.CDX.CM.96.96CM'1849	- - - - - TC - A - - - - - C - - - - - A - C - G - C - - - - -	2451
14.BG.ES.05.X1870	- - - - - TC - A - - - - - C - - - - - T - G - C - - - - -	2437
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	- - - - - T - AGT - T - A - - - - - C - - - - - A - G - G - T - - - - -	2437
16.A2D.KR.97.97KR004	- - - - - C - - - - - A - A - C - - - - - C - - - - - AG - G - T - - - - -	2437
17.BF.AR.99.ARMA038	- - - - - A - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - C - T - - - - -	2288
18.cpx.CU.99.CU76	- - - - - CC - G - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - -	2379
19.cpx.CU.99.CU7	- - - - - AG - T - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - -	2300
20.BG.CU.99.Cu103	- - - - - T - T - A - - - - - A - C - T - - - - - T - - - - -	2540
21.A2D.KE.99.KER2003	- - - - - AG - T - A - - - - - C - - - - - A - C - G - - - - -	2277
22.01A1.CM.01.01CM_0001BBY	- - - - - T - T - G - T - A - - - - - C - - - - - A - C - G - - - - -	2282
23.BG.CU.03.CB118	- - - - - A - T - T - A - - - - - A - T - - - - - T - - - - -	2517
24.BG.ES.08.X2456_2	- - - - - G - A - T - T - A - - - - - A - T - - - - - T - - - - -	2525
25.CDX.GH.06.06GH2018E	- - - - - G - A - T - T - A - - - - - C - T - C - T - - - - -	3079
26.CDX.07.07CD.MTD0847	- - - - - C - A - T - A - - - - - C - T - C - T - - - - -	3065
27.CDX.FR.04.04CD.FR.KZS	- - - - - TC - A - - - - - C - T - C - T - - - - -	2440
28.BF.BR.99.BREPM1269	- - - - - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2475
29.BF.BR.01.BREPM16704	- - - - - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2454
31.BC.BR.04.04BR142	- - - - - T - AG - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2709
32.06A1.EE.01.EE0369	- - - - - T - CA - - - - - A - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2375
33.01B.ID.07.JKT189_C	- - - - - T - AG - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2276
34.01B.TH.99.QUR2478P	- - - - - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2274
35.AD.AF.07.169H	- - - - - A - - - - - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2279
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	- - - - - A - - - - - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2264
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	- - - - - T - AG - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2497
38.BF.UY.03.UY03_3389	- - - - - A - G - T - - - - - C - T - G - T - - - - -	2497
39.BF.BR.04.04BRRJ179	- - - - - C - G - G - - - - - C - C - G - C - - - - -	2557
40.BF.BR.05.05BRRJ855	- - - - - A - G - A - T - - - - - C - C - G - C - - - - -	2557
41.BF.BR.05.05BRRJ855	- - - - - A - G - A - T - - - - - C - C - G - C - - - - -	2557
42.BF.BR.05.05BRRJ855	- - - - - A - G - A - T - - - - - C - C - G - C - - - - -	2557
43.026.SA.03.031223	- - - - - A - A - AG - T - A - - - - - A - C - T - G - T - - - - -	2559
44.BF.CL.08.08CH8	- - - - - A - A - T - - - - - C - T - G - T - - - - -	2516
45.CDX.FR.04.04FR.AUK	- - - - - T - A - - - - - C - A - T - T - T - - - - -	3060
46.BF.BR.07.07BR.FPS625	- - - - - C - G - T - C - - - - - A - G - C - - - - -	2512
47.BF.ES.08.P1942	- - - - - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2513
48.01B.MY.07.07MYKT021	- - - - - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2275
49.cpx.GM.03.N26677	- - - - - T - A - T - - - - - A - C - T - G - T - - - - -	2496
51.01B.SG.11.11SG.HM021	- - - - - T - A - T - - - - - A - C - T - G - T - - - - -	2281
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	- - - - - TC - AG - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2388
53.01B.MY.11.11FIR164	- - - - - T - AG - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2414
54.01B.MY.09.09MYSB023	- - - - - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2476
55.01B.CN.10.NHCS102056	- - - - - T - AGT - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2384
0.BE.87.ANT770	- - - - - CCC - T - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	3128
0.CM.91.MVP5180	- - - - - T - CC - T - A - A - C - - - - - C - T - G - T - - - - -	3103
0.CM.98.98CMCA104	- - - - - T - CCC - T - A - A - C - - - - - C - T - G - T - - - - -	2581
0.FR.92.VAU	- - - - - T - CCC - G - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2640
0.SN.99.99SE.MP1299	- - - - - T - CCC - G - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	3127
0.US.10.LTPN	- - - - - T - CCC - T - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	3049
0.US.97.97US08692A	- - - - - T - CCC - ACCA - T - C - T - C - A - G - - - - - C - T - G - T - - - - -	2525
N.CM.02.DJ00131	- - - - - T - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2588
N.CM.04.04CM.1015_04	- - - - - T - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2579
N.CM.06.U14842	- - - - - A - - - - - C - T - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2581
N.CM.95.YBF398	- - - - - G - CA - T - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2668
N.CM.97.YBF196	- - - - - G - CA - T - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2666
N.FR.11.NI.FR.2011	- - - - - G - CA - G - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2473
P.CM.06.U14788	- - - - - T - CC - T - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	2545
P.FR.09.RBF168	- - - - - T - CC - T - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	3109
CPZ.CD.06.BF1167	- - - - - A - CCC - A - TCAA - A - - - - - C - G - C - T - A - G - G - T - - - - -	2581
CPZ.CD.05.V1CpzMT145	- - - - - T - CCC - T - A - A - T - - - - - C - T - G - T - - - - -	2560
CPZ.GA.88.GAB1	- - - - - C - G - A - T - A - A - - - - - C - T - G - T - - - - -	3135
CPZ.TZ.12.06.SIVcpzTAN13	- - - - - T - CCC - T - T - A - A - - - - - C - C - T - A - I - A - G - I - T - T - G - - - - -	2715
CPZ.US.85.US.Marilyn	- - - - - A - CG - A - G - A - T - A - A - - - - - C - T - G - C - T - A - G - C - T -	3134

B.FR.83.HXB2	CACTAACAGAAGTAATACCACTAACAGAAGAACGAGCTAGAAACTGGCAGAAAACAGAGATTCTAAAGAACCGTACATGGAGTGATTATGCCCATCAAAGACTTAATAGCAGAAATACAGAAGCAGGGCCAGGCCATGGACATATCAAATTATCAAGAG 3581
Pol	A L T E V I P L T E E A E L E A E N R E I L K E P V H G Y D P S K D L I A E I Q K O G Q W T Y Q I Y Q E
A1.AU.03.PS1044 Day0	-T-----T-----G-----G-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----
A1.CH.03.HIV CH BID_V3538	--T-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.ES.06.X2116	--T-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.IT.02.600000	--C-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.KE.06.06KEst 001	--C-----T-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.RU.11.1IRU6950	--G-----T-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.RW.07.pR463F	--T-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.SE.95.SE8538	--T-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.TZ.01.A341	--G-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.UA.01.0IUADN139	--G-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.UG.07.p191845	--T-----T-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A1.ZA.04.04ZASK162B1	--T-----T-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
A2.CD.97.97CDK1848	--I-----CA-----G-----G-----TAG-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----
A2.CM.01.91CM_1445MV	--I-----CA-----G-----T-----TAG-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----
A2.CY.94.94CY017_41	--CA-----G-----A-----G-----TA-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----
B.AR.04.04AR143174	--T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.AU.04.PS10381 Day174	--G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.BR.06.06BR1110	--G-----T-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.CA.07.502_1191_03	--G-----T-----AC-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.CH.04.HIV CH BID_V4408	--G-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.CN.10.DEMB10CN002	--C-----G-----C-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.CO.01.PCM001	--C-----G-----C-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.CU.99.Cu19	--G-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.CY.09.CY266	--T-----G-----A-----AG-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	--G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.DK.07.PMVL 011	--C-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.DO.05.05DO_160884	--C-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.ES.09.P2149_3	--G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.FR.08.DEMB08FR002	--G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.GE.03.03GEM2004	--A-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----A-----
B.BR.05.05BR129389	--G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.JM.05.JM_KJ108	--G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
B.JP.05.DR6538	--A-----G-----GTGT-----A-----T-----G-----G-----CA-----G-----G-----A-----
B.KR.07.07KY44	--A-----G-----G-----G-----A-----T-----AC-----A-----A-----G-----G-----A-----
B.NL.00.671_00T36	--A-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----A-----
B.PE.07.502_2649_w08	--G-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----A-----R-----
B.PY.03.03PY_PSP0115	--G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----A-----R-----
B.RU.11.1IRU21n	--C-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----C-----A-----
B.TH.07.AA040a_WG11	--G-----T-----A-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----T-----
B.TT.01.01TT_CRC50669	--G-----G-----AG-----A-----AA-----G-----A-----C-----G-----A-----T-----G-----
B.TW.94.TWCYS_LM49	--G-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----CA-----C-----G-----A-----T-----G-----
B.UA.01.01UAKV167	--G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----G-----
B.US.02.ES38	--G-----T-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----
B.UY.02.00UY_TSU1290	--G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----G-----
B.UB.10.DEMB10VE001	--T-----G-----A-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----A-----
B.YE.02.02YE507	--G-----A-----T-----A-----AT-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----
C.AR.01.AR4086	--CA-----G-----T-----C-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----
C.BR.07.DEMB07BR003	--CA-----G-----G-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----
C.BW.08.08BW0621	--CA-----G-----G-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----
C.CN.08.YNRL9840	--CA-----G-----G-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----
C.CY.09.CY266	--T-----CA-----G-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----
C.ES.07.X2118_2	--T-----CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----
C.ET.02.02ET_288	--CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----
C.GE.03.03GEM2033	--CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----G-----
C.IL.98.98IS002	--CA-----G-----T-----AT-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----A-----G-----
C.IN.03.D24	--CA-----G-----T-----AT-----T-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----A-----G-----
C.KE.00.KER2010	--CA-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----CA-----A-----G-----T-----A-----G-----
C.MM.99.mIDU101_3	--CA-----G-----T-----AT-----T-----G-----A-----T-----G-----CA-----A-----G-----T-----
C.MW.93.93MW_965	--CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----A-----T-----G-----CA-----A-----G-----
C.SN.90.90SE_364	--C-----C-----G-----T-----AT-----GT-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----G-----
C.SO.89.89SM_145	--CA-----G-----G-----T-----AT-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----
C.TZ.90.50T	--CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----
C.UV.00.08UUC_MSC3018	--CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----T-----
C.UV.01.TRA3011	--CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----T-----
C.YE.02.02YE511	--T-----CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----G-----T-----
C.ZA.10.DEMC10ZA001	--T-----CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----
C.ZM.02.02ZM108	--CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----
D.CD.83.ELI	--AT-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----C-----C-----
D.CM.10.DEMD10CM009	--T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----
D.CY.06.CY163	--T-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----GG-----
D.KE.97.ML415_2	--T-----G-----G-----T-----AT-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----GG-----
D.KR.04.04KKB8	--G-----A-----G-----A-----C-----AT-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----
D.SN.90.SE365	--A-----G-----G-----A-----C-----AT-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----
D.TD.99.MN011	--T-----G-----G-----A-----C-----AT-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----
D.TZ.01.A280	--G-----G-----A-----A-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----CA-----A-----A-----A-----
D.UG.08.p191859	--G-----G-----G-----A-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----
D.YE.02.02YE516	--T-----T-----T-----AG-----AT-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----G-----GG-----
D.ZA.90.R1	--T-----G-----G-----AT-----A-----G-----A-----CT-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----
F1.A0.06.A0_06.ANG125	--CA-----G-----G-----T-----C-----GA-----T-----T-----G-----T-----AG-----A-----G-----A-----
F1.AR.02.ARE933	--CA-----G-----G-----T-----C-----G-----A-----T-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----
F1.BE.93.V1850	--CA-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----
F1.BR.07.07BR844	--CA-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----G-----G-----T-----G-----A-----G-----G-----
F1.CS.08.08CS001	--G-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----
F1.FS.07.DEMF110E5001	--G-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----
F1.FI.93.FIN9363	--TA-----G-----G-----T-----C-----A-----TT-----T-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----
F1.FR.96.96FR_MP411	--CA-----GG-----G-----T-----C-----A-----TT-----T-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----
F1.RO.96.BCI_R07	--CA-----G-----G-----T-----C-----T-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----
F1.RU.08.D88_845	--TA-----G-----G-----T-----C-----T-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----
F2.CM.10.DEMF210CM007	--T-----T-----G-----GT-----G-----T-----C-----A-----G-----G-----A-----T-----AT-----
F2.CM.97.CM53657	--G-----C-----G-----G-----T-----AT-----A-----G-----G-----A-----TC-----G-----A-----A-----C-----
G.BE.96.DRCBL	--T-----CA-----G-----T-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----
G.CM.10.DEMG10CM008	--T-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----C-----C-----G-----G-----GG-----A-----A-----T-----
G.CN.98.GX_2084_08	--CA-----G-----G-----T-----A-----T-----G-----T-----G-----G-----R-----G-----A-----A-----CC-----
G.CU.99.Cu74	--T-----CA-----G-----G-----T-----AT-----G-----T-----G-----G-----A-----AA-----G-----G-----
G.ES.09.X2634_2	--CA-----G-----G-----T-----AT-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----
G.GH.03.03GH175G	--A-----G-----T-----C-----G-----C-----AA-----G-----GT-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----
G.KE.93.HH8793_12_1	--CA-----G-----G-----T-----CG-----AT-----G-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----AA-----
G.NG.09.09NG_SC62	--T-----CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----CT-----

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	CCATT...AAAATCTGAAACAGGAAATATGCAAGAATGGGGTGCACACTAATGATGTAACCAATTACAGAGGCCAGTCAGGAAACATAGTAATATGGGAAAG..ACTCTAAATTAACTGCCATACAAAAGGAACATGGG	3745
Pol	P_F...K_N_L_K_T_G_K_Y_A_R_M_R_G_A_H_T_N_D_V_K_Q_L_T_E_A_V_Q_K_I_T_T_E_S_I_V_I_W_G_K_T_P_K_F_K_L_P_I_Q_K_E_T_W	
G.PT.x.PT3306	---AC...-A-G-G-TC...-A-T...-G...-A-T...-G...-G...-A...-C...-G-A-T-AG-A-G	3685
G.SE.93.SE6165_G6165	---AC...-G...-A-G-G-TC...-A-T...-G...-A-T...-G...-G...-A...-C...-G-A-T-A-G-A	3142
H.BE.93.VI991	---C...-A-G...-A-T-C...-G...-A-T-A...-G-I...-A...-T...-G-T-A-T-A	3134
H.BE.93.VI997	---C...-A-G...-A-AAA...-G...-A-A-C...-A...-G-I...-A...-T...-G-T-A-T-A	3069
H.CF.90.056	---C...-G-C-A-G...-A-A-C...-A...-G-I...-A...-T...-G-G-A-T-A	3092
H.GB.00.006BAC4001	---C...-G-C-A-G...-A-A-C...-A...-G-I...-A...-T...-G-G-A-T-A	3263
J.CD.97.J_97DC_KTB147	---C...-R...-A-G...-A-G-A-C...-A...-T...-T-ATGC...-G...-T...-G-A-A-G	2939
J.CM.94.04CMU1422	---C...-R...-A-G...-A-G-A-C...-A...-T...-G-TG...-G...-T...-G-A-A-G	3251
J.SE.93.SE9288_7887	---C...-G...-A-G...-A-G-A-C...-A...-T...-G-TG...-G...-T...-G-A-A-GA	3059
J.SE.94.SE9173_7022	---C...-G...-A-G...-A-G-A-C...-A...-T...-G-TG...-G...-T...-G-A-A-GA	3060
K.CD.97.97ZR_EQTB11	---A...-T...-G-G...-A-T-C...-A-T...-G-G-TG...-A...-G-T-A-T-A	2941
K.CM.96.96CM_MP535	---CA...-G-G...-A-TC...-A-T...-G-G-TG...-A...-G-G-T-A-A	2941
01.AE.AF.07.569N	---A...-A...-C...-AA-ATC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-A-A-A	2951
01.AE.CN.09.1119	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-A-A-GA	2979
01.AE.HK.04.HK001	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-A-A-GA	3107
01.AE.JP.x.DR8492	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG-A...-G...-G-A-C-GA	3757
01.AE.TH.04.0001	---A...-G...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-A-A-GA	3107
01.AE.TH.09.00111a_WG11	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-A-C-GA	3166
01.AE.TN.90.CM240	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-A-A-GA	3119
01.AE.VN.98.98VNND15	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-A-A-GA	3000
02.AG.CM.06.DE00208CM001	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-A-GA	3116
02.AG.ES.06.P1261	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-T-A-GA	3182
02.AG.FR.91.D1263	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-T-A-GA	3093
02.AG.GH.03.03GH181AG	---A...-A...-C...-AA-TC...-T...-G-G-A-TG...-G...-G-G-T-A-GA	3769
02.AG.LR.x.POC44951	---T-A...-G...-A-A-TC...-A...-A...-T...-G-G-GT-T-T-A...-C...-G-G-A-GA	3740
02.AG.NG.x.IBN	---T-A...-G...-A-A-TC...-A...-A...-T...-G-G-GT-T-T-A...-C...-G-G-A-GA	3270
02.AG.SN.98.98SE_MP1211	---T-A...-G...-A-A-TC...-A...-A...-T...-G-G-GT-T-T-A...-C...-G-G-A-GA	2942
02.AG.US.06.562_2696_FL01	---T-A...-G...-A-A-TC...-A...-A...-T...-GG-GT-1-T-C...-C...-G-G-A-A	2943
02.AG.UZ.02.02Z0683	---T-A...-G...-A-A-TC...-A...-A...-T...-GG-GG-GT-1-T-C...-C...-G-G-A-GA	2971
03.AR.RZ.97.00153_2_3	---CA...-G-G...-CC-ATC...-T...-G-G-A-TG...-T...-G-G-T-A-A	3111
04.CP.CY.94.04CM032_3	---C...-G-G...-CC-ATC...-T...-G-G-A-TG...-T...-G-G-T-A-A	3127
05.DP.BE.v.VII310	---CA...-G-G...-G-G-A-TC...-T...-G-G-A-CT...-T...-G-G-A-A	3773
06.Cpx.AU.96.BFP90	---C...-G-G...-A-A-TC...-T...-G-G-A-CT...-T...-G-G-T-A-C-A	3077
07.BC.CN.98.98CN09	---C...-G-G...-A-A-AC...-T...-G-G-G-TG...-A...-T...-G-T-A-C-C-A	3679
08.BC.CN.06.nx2	---C...-G-G...-A-A-TC...-T...-G-G-G-TG...-A...-T...-G-T-A-C-A	2947
09.cpx.GH.96.96GH2911	---CAC...-G-G...-A-G-AAC...-C-C-C...-G-G-C-A-C-A-T-T-T-G...-G-A-A	3124
10.CD.TZ.96.96TZ_BF061	---C...-A-G...-A-G-A-TC...-T...-G-G-GG-GT-1-T-G...-G...-G-G-A-GA	3109
11.cpx.CM.95.95CM_1816	---C...-A-G...-A-G-A-AC...-GG-G-G-A-TGA-A...-TG-G-G...-A...-T...-G-G-A-G	3750
12.BF.AR.95.ARMA159	---C...-A-G...-A-G-G-TC...-A...-C...-A-T...-GG-GG-G-T...-A...-CT-C-G-A-G	3150
13.cpx.CM.96.96CM_1849	---AC...-C...-A-G-G-G-TC...-A...-C...-A-T...-GG-GG-G-T...-A...-CT-C-G-A	3212
14.BG.ES.05.X1870	---CAC...-C...-A-G-G-G-TC...-A...-C...-A-T...-GG-GG-G-T...-A...-CT-C-G-A	3114
15.01B.EH.99.99TH_MU2079	---C...-A-G...-G-A-AA-TC...-T...-G...-A-TG...-G...-G-T-A-T-A	3108
16.AD.KR.99.97KR004	---C...-A-G...-G-A-TCCA...-A...-A-A...-GT-TG...-A...-T...-G-T-A-T-A	2959
17.BF.AR.99.AR00338	---G-C-A...-A-G-ATC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T-G-A	3050
18.cpx.CU.99.CU76	---G-C-A...-A-G-ATC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T-G-A	2971
19.cpx.CU.99.CU7	---G-C-A...-A-G-ATC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T-G-A	3211
20.BG.CU.99.CU103	---G-C-A...-A-G-ATC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T-G-A	2950
21.A2D.KE.99.KER2003	---T-A...-G...-A-A-AAA...-TCCA...-C...-A-T...-GG-GG-G-T...-A...-CT-C-G-A	2953
22.01A1.CM.01.01CM_0001BBY	---T-A...-G...-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-GG-G...-G...-G-G-A	3188
23.BG.CU.03.CB118	---T-A...-G...-G-AAA...-A...-G...-G-ACA...-T...-G-G-ACA...-T...-G-T-A-A	3196
24.BG.ES.08.X2456_2	---T-A...-G...-G-AAA...-A...-G...-G-ACA...-T...-G-G-T-T-GG...-T...-G-T-A-A	2953
25.cpx.CM.02.1918LE	---A...-A-G-G-ATC...-T...-G-G-CA-TG...-G-G-T-T-GG...-T...-G-T-A-A	3750
26.AU.CD.02.02CD_MBTB047	---AU.CD.02.02CD_MBTB047	3750
27.cpx.FR.04.04CD_FR_KZS	---C...-C...-A-G-G-T...-A...-A-G-A-TC...-T...-G-G-G-TG-G...-G-G-A-A	3736
28.BF.BR.99.BREPM12699	---C...-C...-A-A-G...-G-G...-G-G...-G-C...-CTG...-G...-G-T-A-T-G-G-A	3111
29.BF.BR.01.BREPM16704	---C...-C...-A-A-G...-G-G...-G-G...-G-C...-CTG...-G...-G-T-A-T-G-G-A	3146
31.BC.BR.04.04BR142	---C...-C...-A-A-G...-G-G...-G-G...-G-C...-CTG...-G...-G-T-A-T-G-G-A	327
32.CP.EE.01.01EE_01	---C...-C...-A-A-G...-G-G...-G-G...-G-C...-CTG...-G...-G-T-A-T-G-G-A	3580
33.01B.ID.97.JKT189_C	---T-A...-G...-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-G-T...-A...-CT-C-G-A	3046
34.01B.TH.99.0UR2478P	---T-A...-G...-G-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-GG-G-TG-G...-A...-CT-C-G-A	2947
35.AD.AF.07.169H	---T-A...-G...-G-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-G-T...-A...-CT-C-G-A	2945
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	---T-A...-G...-G-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-G-T...-A...-CT-C-G-A	2950
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	---T-A...-G...-G-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-G-T...-A...-CT-C-G-A	2935
38.BF1.UY.03.UY3389	---G-A...-AA-A-T...-G...-G-G-T...-A-TG...-G-T-A-T-G...-G-G-A-C-A	3168
39.BF.BR.04.04BRJ179	---G-A...-AA-A-T...-G...-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T...-G-C-G-G-A	3222
40.BF.BR.05.05BRRJ055	---G-A...-AA-A-T...-G...-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T...-G-T-GA-G	3228
42.BF.LU.03.LuBF_05_03	---G-A...-A-G-G-TC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T...-G-G-A	3283
43.026.SA.03.J11223	---G-A...-A-G-G-TC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T...-G-G-A	3270
44.BF.CL.00.CH80	---G-A...-A-G-G-TC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T...-G-G-A	3187
45.Cpx.FR.04.04FR_ARUK	---A...-A-G-G-TC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T...-G-G-A	3731
46.BF.FR.07.P1942_FPS625	---A...-A-G-G-TC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T...-G-G-A	3183
48.01B.MY.07.07MYKT021	---A...-A-G-G-TC...-T...-G-G-G-T...-A-TG...-G-G-G-T-T...-G-G-A	3144
49.cpx.GM.03.N26677	---C...-C...-A-A-G...-G-G...-G-G...-G-C...-CTG...-G...-G-T-A-T-G-G-A	2950
51.01B.SG.11.11SG.HM021	---C...-C...-A-A-G...-G-G...-G-G...-G-C...-CTG...-G...-G-T-A-T-G-G-A	3167
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	---A...-G...-G-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-G-T...-A...-CT-C-G-A	2952
53.01B.MY.11.11FIR164	---A...-G...-G-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-G-T...-A...-CT-C-G-A	3059
54.01B.MY.09.09MSB023	---A...-G...-G-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-G-T...-A...-CT-C-G-A	3085
55.01B.CN.10.HNC5102056	---A...-G...-G-A-A-TC...-T...-G...-A-TG...-G-G-G-T...-A...-CT-C-G-A	3147
0.BE.87.ANT70	GA-CA...-G-C-T...-A-T-GCAA-A-CCT...-A-A-G...-G-A-T-A-C-G-C-GG-GT-TCA...-TCT...-A-T-C...-G-A...-TTG...-G-A-AG-CACT-GA...-T	3799
0.CM.91.MVP5180	GA-CA...-G-C-T...-A-T-GCAA-A-CCT...-A-A-G...-G-G-A-T-C-G-GG-GT-TCA...-GCT...-T-C...-G-A...-TTA...-C-GG...-AG-TACT-GA...-T	3774
0.CM.98.98CMCA104	GA-CA...-G-C-T...-A-T-GCAA-A-CAT...-A-A-G...-G-A-T-A-C-G-C-GG-GT-TCA...-GCT...-T-C...-G-A...-TTG...-G-G...-AG-CACT-G...-T	3231
0.FR.92.VAU	GA-CA...-G-C-T...-A-T-GCAA-AA-CCT...-A-A-G...-G-G-A-T-A-C-G-C-GG-GT-TCA...-GCT...-A-C...-TTG...-C...-G...-AG-CACT-GA...-GT	3311
0.SN.99.99SE_MP1299	GA-CA...-G-C-T...-A-T-GCAA-A-CCT...-A-A-G...-G-G-A-T-A-C-G-C-GG-GT-TCA...-GCT...-A-T...-TTG...-G-G...-A-CACT-GA...-T	3798
0.US.10.LTNP	GA-CA...-G-C-T...-A-T-GCAA-A-CCT...-A-A-G...-G-G-A-T-A-C-G-C-GG-GT-TCA...-TC...-C-C-G-G-A...-TTG...-G-G...-A-CACT-GA...-T	3720
0.US.97.97US08692A	GA-CA...-G-C-T...-A-T-GCAA-A-CCT...-A-A-G...-G-G-A-T-A-C-G-C-GG-GT-TCA...-GCT...-T-C...-A...-TTG...-G-G...-A-TACT-G...-T	3196
N.CM.02.DJ00131	---A...-T-A-G...-G-G-ATC...-T...-A-G-G-TT...-A-TG-A-G-G-T...-T...-T...-G...-T-A-AG-GT...-T	3251
N.CM.04.04CM_1015_04	---T-YA...-T-A-G...-G-G-AATTC...-T...-A-G-G-TT...-A-TG-A-G-G-T...-T...-T...-G...-T-A-MG-GT...-T	3250
N.CM.06.U14842	---TT-A...-T-A-G...-G-G-GA-AA-C-T...-AA...-G-G-T-A-TG...-G-GG-A...-T...-T...-G...-T-A-AG-G-T...-T	3252
N.CM.95.YBF30	---TT-CA...-T-A-G...-G-G-GT...-A-TG-A-A-GG...-G-GG-A...-T...-T...-G...-G-T-A-AG-GT...-T	3339
N.CM.97.YBF106	---A...-T-A-G...-G-G-GT...-A-TG-A-G-G-GT-CAG...-G-GG-GT-TCA...-GCT...-A-C...-TTG...-C...-G...-AG-CACT-GA...-GT	3337
N.FR.11.N1.FR.2011	---TTGCA...-T-A-G...-G-G-GT...-A-TG-A-G-G-GG...-G-GG-GT-TCA...-TC...-C-C-G-G-A...-TTG...-G-G...-A-TG-A-GT...-A	3146
P.CM.06.U14788	GA-CA...-CT...-A-G-ATC...-T...-A-G-G-TT...-A-TG-A-G-G-T...-T...-T...-G...-T-A-AG-GT...-T	3216
P.FR.09.RFB168	GA-CA...-CT...-A-G-G-GT...-A-TG-A-G-G-GG...-G-GG-GT-TCA...-TC...-C-C-G-G-A...-TTG...-G-G...-A-TGAGT-T	3780
CPZ.CD.06.BF1167	GA-AA...-C-T-TAT-A-G...-G-G-ATC...-T...-AT...-G-G-G-T...-T...-T...-G...-G-A-TA-G-TG-TAC...-GTG...-C	3847
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	---CA...-C-A-G...-G-C-A-CAA-A-CAT...-A-T-GG-GC-GT-TCA...-AA...-A-TG...-G-G-T-A-G...-G-T...-A-TG...-C	3287
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	---CA...-G-T-A-G...-G-C-A-CAA-TCA...-A-A-CAG-GG-C-GG-GTCTTA-A-G...-GGT-AT...-T...-C-CT...-GTA-A-G-CTCT...-AG-GACT...-AG	3806
CPZ.US.85.US_Marilyn	---GGCA...-G-G-A-G...-G-C-CAA-ATCA...-A-T-A-C-G-G-GT-TA-TG...-G-G-G-T-T...-G-T-A-T-G...-A-TG-G-G...-GTC	3805

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignment

		p51 end and p66 RT continue Pol p15 RNAs H start
B.FR.83.HXB2	PoL	AACATGGGGACAGAGTATTGGCAAGCCACCTGGATTCTGAGTTGGATTCTGAAATTACCCCTCCCTAGTGAATTATGGTACCGTAGAGAAAAGACCCATAGTAGGGAGCAGAAACCTTCTATGTAGATGGGGAGCTAACAGGGAGACTAAATTAGAAAAGCAG 3915
G.PT.X.PT3306	-GT-----	T W W T E Y W O A T W I P E W F V N T P P L V K L W Y O L E K F P I V G A E T F Y V D G A A N R E T K L G K A -G-----
G.SE.93.SE6156_G6165	-T-----	-A-G-----C-A-C-----TC-A-T-----TAGC-A-C-A-C-----T-AT-----T-A-A-----A-----G-----
H.BE.93.VI991	-C-----	-C-G-----C-A-C-----TC-A-G-----T-G-A-C-C-----T-A-----T-A-A-----A-G-G-----
H.BE.93.VI997	-C-----	-C-G-----C-A-C-----TC-A-T-----T-C-G-----A-----T-A-----T-A-A-----A-----A-----
H.CF.90.056	-G-----	-G-C-----A-----A-C-----TC-A-T-----T-G-C-----C-----T-A-----A-----T-A-A-----A-G-G-----
H.GB.00.00GBAC4001	-G-----	-G-C-----A-----A-C-----TC-A-G-----A-C-----T-A-----A-----T-A-A-----A-G-G-----
J.CD.97.J_97DC_KTB147	-C-----	-C-C-----A-C-T-----C-A-----T-A-----A-G-----A-G-----T-----A-----A-----A-----
J.CM.94.04CMU1422	-R-----	-Y-----C-----TC-A-----A-----A-R-----A-G-----T-Y-----R-AAR-----R-R-----
J.SE.93.SE9288_7887	-C-----	-C-C-----C-----TC-A-----A-----A-G-----A-G-----T-----T-----A-----AC-----G-----
J.SE.94.SE9173_7022	-G-----	-C-----C-----TC-A-----A-----A-G-----A-G-----T-----T-----A-----G-----G-----
K.CD.97.97ZTR_EQTB11	-G-----	-A-----A-G-----C-----A-----C-----A-C-----T-----C-T-----A-----CAG-----
K.CM.96.96CM_MP535	-G-----	-A-----A-----C-----A-----C-----A-C-----T-----C-T-----A-----A-AAG-----G-----
01.AE.AF.07.569N	-TG-----	-G-T-----G-A-----G-T-----G-A-----A-----A-C-----R-T-----GT-----C-----
01.AE.CN.09.1119	-G-----	-G-----G-T-----A-----A-C-----A-----G-----G-T-----A-----GT-AA-----GC-----
01.AE.HK.04.HK001	-TG-----	-G-----G-T-----A-----C-----A-----A-C-----G-----G-T-----GT-----GC-----
01.AE.JP.x.DR6492	-G-----	-G-----G-T-----A-----C-----A-----A-C-----G-----G-T-----GT-----GC-----
01.AE.TH.04.04TH04	-TG-----	-G-----G-T-----A-----C-----A-----A-C-----C-T-----G-----G-T-----GT-----GC-----
01.AE.TH.09.AA111a_WG11	-TG-----	-G-----G-T-----A-----C-----A-----A-C-----C-----G-----G-T-----GT-----GC-----
01.AE.TH.90.CM240	-TG-----	-G-----G-T-----A-----C-----A-----A-C-----C-----G-----G-T-----GT-----GC-----
01.AE.VN.98.98VNND15	-TG-----	-G-----G-T-----A-----C-----A-----A-C-----C-----G-----G-T-----GT-----GC-----
02.AG.CM.08.DE00208CM001	-G-----	-G-----G-T-----A-----C-----A-----A-C-----A-T-----G-----T-----T-----A-A-C-----
02.AG.ES.06.P1261	-G-----	-G-----G-T-----T-----A-----A-----A-C-----A-----T-----G-----T-----T-----A-----
02.AG.FR.91.D1263	-G-----	-G-----G-T-----C-----C-----A-----TC-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----
02.AG.GH.03.03GH181AG	-G-----	-G-----G-T-----C-----C-----A-----TC-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----
02.AG.LR.x.POC44951	TG-----	-TG-----G-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----T-----A-----
02.AG.NG.I.BN	-TG-----	-TG-----G-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----T-----A-----
02.AG.SN.98.98SE_MP1211	-G-----	-G-----G-T-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----
02.AG.US.05.502_2696_FL01	-G-----	-G-----CG-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----
02.AG.UZ.02.02020683	CG-----	-G-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----GAG-----
03.AR.RZ.97.04153_2	C-----	-C-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-C-----C-----C-----T-----A-----A-----
04.CP.CY.94.0406032_3	C-----	-C-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-C-----C-----C-----T-----A-----A-----
05.DP.BE.v.VII310	T-----	-T-----A-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----
06.Cpx.AU.96.BFP90	G-----	-G-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----T-----T-----A-----G-----
07.BC.CN.98.98BCN009	G-----	-G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----G-----A-----T-----T-----A-----A-----
08.BC.CN.06.nx2	T-----	-T-----C-----A-----A-----C-----A-----AC-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----
09.cpx.GH.96.96GH2911	T-----	-G-----G-----C-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----G-----T-----T-----A-----
10.CD.TZ.96.96TZ_BF061	-T-----	-G-----G-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----
11.cpx.CM.95.95CM_1816	G-----	-G-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----
12.BF.AR.95.ARMA159	T-----	-T-----C-----TC-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----AA-----
13.cpx.CM.96.96CM_1849	-GT-----	-C-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----G-----
14.BG.ES.05.X1870	-GT-----	-T-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----AT-----
15.01B.TH.99.99TH_MU2079	TG-----	-G-----G-----T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----AC-----
16.AD.KR.99.97KR004	G-----	-G-----G-----T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----AC-----
17.BF.AR.99.AR0038	T-----	-G-----G-----G-----TTTC-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----AA-----
18.cpx.CU.99.CU76	G-----	-G-----G-----G-----TC-----A-----A-----A-----C-----G-----T-----CT-----T-----A-----
19.cpx.CU.99.CU76	G-----	-G-----GG-----T-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----
20.BG.CU.99.CU103	G-----	-G-----G-----GG-----T-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----
21.A2D.KE.99.KER2003	-TG-----	-TG-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----
22.01A1.CM.01.01CM_0001BBY	G-----	-G-----TG-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----
23.BG.CU.03.CB118	-G-----	-G-----TG-----C-----TC-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----
24.BG.ES.02.X2456_2	-G-----	-G-----TG-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----
25.cpx.CM.02.1918LE	-G-----	-G-----C-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----G-----T-----T-----
26.AU.CD.02.02CD_MBTP047	T-----	-G-----G-----T-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----G-----
27.cpx.FR.04.04CD.FR_KZS	T-----	-G-----G-----T-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----G-----T-----T-----
28.BF.BR.99.BREPML2699	T-----	-G-----G-----T-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----
29.BF.BR.01.BREPML6704	G-----	-G-----C-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----
31.BC.BR.04.04BRJ142	-G-----	-G-----C-----C-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----
32.CP.EC.01.01EC01	-G-----	-G-----C-----C-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----
33.01B.ID.97.JKT189_C	TG-----	-TG-----A-----G-----TC-----A-----A-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----
34.01B.TH.99.OUR2478P	TG-----	-TG-----A-----G-----TC-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----
35.AD.AF.07.169N	-G-----	-G-----TG-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	-T-----	-T-----G-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----T-----
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	-G-----	-G-----GG-----T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----
38.BF.BR.01.UY.03.UY3389	-G-----	-G-----TG-----G-----T-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----C-----A-----
39.BF.BR.04.04BRJ179	T-----	-A-----G-----T-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----TG-----A-----C-----A-----
40.BF.BR.05.05BRJ055	T-----	-A-----G-----T-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----
42.BF.LU.03.LUBT_05_03	T-----	-T-----G-----T-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----
43.026.SA.03.J11223	T-----	-G-----T-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----
44.BF.CL.00.CH80	T-----	-G-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----
45.Cpx.FR.04.04FR_AUK	G-----	-G-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----
46.BF.BR.07.07FBP625	T-----	-G-----C-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----
47.BF.BR.08.P1842	-G-----	-G-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----
48.01B.MY.07.07MYKT021	-G-----	-G-----G-----T-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----
49.cpx.GM.03.N26677	-G-----	-G-----C-----G-----T-----A-----C-----TC-----A-----A-----G-----G-----G-----
51.01B.SG.11.11SG.HM021	TG-----	-TG-----C-----G-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----A-----G-----
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	T-----	-T-----G-----T-----A-----C-----TC-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----
53.01B.MY.11.11FIR164	T-----	-T-----G-----T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----
54.01B.MY.09.09MSB023	T-----	-T-----G-----T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----
55.01B.CN.10.HNC5102056	-A-----	-C-----C-----TC-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----
0.BE.87.ANT70	-G-----	-G-----G-----C-----A-----A-----C-----GC-----A-----C-----A-----G-----T-----
0.CM.91.MVP5180	-T-----	-G-----G-----A-----A-----C-----GC-----A-----C-----A-----C-----T-----A-----
0.CM.98.98CMA104	-G-----	-G-----G-----A-----R-----C-----GC-----A-----C-----A-----G-----C-----T-----
0.FR.92.VAU	-G-----	-G-----G-----A-----C-----GC-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----
0.SN.99.99SE_MP1299	-G-----	-G-----G-----A-----A-----C-----GC-----A-----C-----A-----G-----T-----A-----
0.US.10.LTNP	-G-----	-G-----G-----A-----A-----C-----GC-----A-----C-----A-----G-----T-----A-----
0.US.97.97US08692A	-G-----	-G-----G-----C-----C-----A-----GC-----A-----C-----A-----G-----T-----TA-----
N.CM.02.DJ00131	GG-----	-T-----CA-----A-----A-----C-----GC-----A-----C-----A-----GT-----TA-----
N.CM.04.04CM_1015_04	GG-----	-T-----CA-----A-----A-----C-----GC-----A-----C-----A-----GT-----T-----
N.CM.06.U14842	G-----	-G-----AC-----A-----GT-----A-----C-----C-----TC-----T-----A-----G-----
N.CM.95.YBF30	G-----	-G-----G-----T-----A-----C-----C-----TC-----T-----A-----C-----G-----
N.CM.97.YBF106	GG-----	-G-----G-----A-----T-----A-----C-----C-----TC-----T-----A-----G-----
N.FR.11.N1.FR.2011	GG-----	-T-----A-----C-----C-----TC-----A-----C-----T-----A-----G-----CT-----
P.CM.06.U14788	G-----	-T-----T-----C-----A-----A-----GC-----A-----C-----TC-----T-----A-----C-----
P.FR.09.RFB168	G-----	-T-----T-----C-----A-----A-----G-----A-----C-----TC-----T-----A-----A-----
CPZ.CD.06.BF1167	-CA-----	-T-----T-----C-----G-----A-----A-----TC-----G-----C-----A-----G-----
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-G-----	-G-----G-----T-----C-----C-----A-----CC-----A-----G-----A-----G-----
CPZ.CM.88.GAB1	-G-----	-G-----G-----A-----C-----C-----TC-----A-----G-----A-----A-----G-----
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	T-----	-T-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----AAAC-----A-----C-----
TCAG	-T-----	-T-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----AAAC-----A-----G-----
CPZ.US.85.US_Marilyn	-T-----	-T-----A-----C-----C-----A-----GG-----A-----G-----A-----A-----CC-----AC-----A-----C-----GAA-----

GATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAAGTGTCACTTAACTGCACAAACAATCAGAAAGACTGAGTTAACAGCAATTCTAGCTTCGGAGATTAGAAGTAAACAGACTCACAAATATGCAATTAGGAACTTCAAGCACAAACAGATCAA 4085
 Pol
 G. PT. x.PT3306
 G. SE. 93. SE6165 G6165
 H. BE. 93. VI9191
 H. BE. 93. VI9797
 H. CF. 90. 0056
 H. GB. 00. 006BAC4001
 J. CD. 97. J 97DC_KTB147
 J. CM. 04. 04CMU11421
 J. SE. 93. SE9280 7887
 J. SE. 94. SE9173 7022
 K. CD. 97. 97ZR_EQTB11
 K. CM. 96. 96CM_MP535
 01 AF. AF. 07. 569M
 01 AE. CN. 09. 1119
 01 AE. HK. 04. HK001
 01 AE. JP. x. DR0492
 01 AE. TH. 04. BKM
 01 AE. TH. 09. A1111a_WG11
 01 AE. TH. 98. CM240
 01 AE. VN. 98. 98VNND15
 02 AG. CM. 08. DE00208CM001
 02 AG. ES. 96. DE00208CM002
 02 AG. ES. 96. D7633
 02 AG. GH. 03. 03GH181AG
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. X. IBNG
 02 AG. SN. 98. 98SE_MPL211
 02 AG. US. 06. 502_2696 FL01
 02 AG. UZ. 02. 02U20683
 03 AB. RU. 97. KAL153_2
 04 cpx.CY. 94. 94CY032_3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cpx.AU. 96. BF990
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 06. NX
 09 cpx.GH. 96. 06GH2911
 10 cpx.TZ. 96. 06TZ_BF061
 11 cpx.CM. 95. 95CM_1816
 12 PR. AR. 99. ARMA159
 13 cpx.CM. 96. 96CM_1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99THK_MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KR008
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 cpx.CU. 99. CU76
 19 cpx.CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. Cu103
 21 A2D. KE. 07. KER2003
 01A1. CM. 01. 01CM_0001BBY
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456_2
 25 cpx.CM. 02. 02CM_08LE
 26 cpx.CU. 02. 02CD_MTB0947
 28 cpx.FR. 64. 04CD_FR_KZS
 29 BF. BR. 99. BREPM1269
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A1. EF. 01. FE0369
 33 01B. ID. 07. JK189_C
 34 01B. TH. 99. OUR2478P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx.CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx.CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF1.UY. 03. UY03_3389
 39 BF. BR. 04. 04BRRJ179
 40 BF. BR. 05. 05BRJ055
 42 BF. LU. 03. 03LU05_03
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cpx.FR. 04. 04FR_AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR_FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx.GM. 03. N26677
 51 01B. SG. 11. 11SG_HM021
 52 01B. MY. 03. 03MKYL018_1
 53 01B. MY. 11. 11FIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 0. BE. 87. AN770
 0. CM. 91. MVP5180
 0. CM. 98. 98CM104
 0. FR. 92. VAU
 0. SN. 99. 99SE_MP1299
 0. US. 10. LTPN
 0. US. 97. 97US08692A
 NM. 02. DJ00131
 NM. 04. 04CM_1015_04
 NM. 06. U14842
 NM. 95. YBF30
 NM. 97. YBF106
 NF. 11. NI. PR. 2011
 P. CM. 09. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CM. 05. SIVcpTM145
 CPZ. GA. 88. GAB1
 CPZ. T. 06. SIVcp2TAN13
 CPZ. US. 05. Marilyn

HV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	ATTGTACACATTTAGAAGGAAAGTATCTCTGGTAGCATGTCATGAGCAGTGGAATATAAGCAGAACAGGAAACAGCATATTTCTTTAAATTAGCAGGAAGATGCCAGTAAAAACAATACATACTGACAATGGCAGCAAT 4589
Pol	D_C_T_H_L_E_G_K_V_I_L_V_A_V_H_V_A_S_G_Y_I_E_A_E_V_I_P_A_E_T_G_Q_E_T_A_Y_F_L_L_K_L_A_G_R_W_P_V_K_T_I_H_T_D_N_G_S_N
G.PT.X.PT3306	-C-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----TC-----T_A_C-----R-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----T-----4529
G.SE.93.SE6155_G6165	-C-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----T-----A-----T-----3986
H.BE.93.VI991	-C-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----S-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----C-----3978
H.BE.93.VI997	-C-----G-----C-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----C-----3973
H.CF.90.056	-C-----G-----C-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----C-----5936
H.GB.00.00GBAC4001	-C-----G-----C-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----T-----A-----4107
J.CD.97.J_97DC_KTB147	-C-----A-----A-----C-----A-----C-----C-----Y-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----R-----C-----G-----T-----A-----C-----3783
J.CM.94.04CMU1421	-C-----M-----A-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----T-----Y-----A-----T-----A-----R-----C-----G-----T-----A-----C-----4095
J.SE.93.SE9288_7887	-C-----C-----A-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----C-----3903
J.SE.94.SE9173_7022	-C-----C-----A-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----CG-----G-----T-----A-----A-----3904
K.CD.97.97ZR_EQTB11	-A-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----CA-----AC-----G-----GT-----A-----A-----C-----A-----C-----3786
K.CM.96.96CM_MP535	-A-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----GC-----G-----GT-----C-----A-----C-----A-----A-----3785
01.AE.AF.07.569N	-C-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----GC-----G-----GT-----C-----A-----C-----A-----3795
01.AE.CN.09.1119	-C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----GC-----G-----GT-----C-----A-----T-----3823
01.AE.HK.04.HK001	-C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----GC-----G-----GTC-----C-----A-----T-----3951
01.AE.JP.x.DR8492	-C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----GC-----G-----GT-----C-----A-----T-----4611
01.AE.TH.04.TH04	-C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----GC-----G-----GT-----C-----A-----C-----T-----4641
01.AE.TH.09.AA111a_WG11	-C-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----GC-----C-----G-----GT-----C-----A-----C-----T-----4010
01.AE.TN.90.CM240	-C-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----GC-----C-----G-----GT-----C-----A-----C-----T-----4163
01.AE.VN.98.98VNND15	-C-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----GC-----C-----G-----GT-----C-----A-----C-----T-----3844
02.AG.CM.08.DE00208CM001	-C-----A-----TA-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----AC-----G-----GT-----C-----A-----3960
02.AG.ES.06.P1261	-C-----C-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----AC-----G-----GT-----C-----A-----4026
02.AG.FR.91.D1263	-C-----AC-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----AC-----G-----GT-----C-----A-----3937
02.AG.GH.03.03GH181AG	-C-----G-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----4613
02.AG.LR.x.POC44951	-C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----4114
02.AG.NG.x.IBN	-C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----3786
02.AG.SN.98.98SE_MP1211	-C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----3786
02.AG.US.06.502_2696_FL01	-C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----3786
02.AG.UZ.02.02020683	-C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----3775
03.AR.RZ.97.00153_2	-C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----3885
04.Cpx.CM.94.04CM032_3	-C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----CA-----AC-----G-----G-----TG-----G-----C-----CC-----3955
05.DP.CX.94.04CM032_3	-C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----GC-----G-----G-----TG-----C-----A-----T-----C-----CC-----3971
06.Cpx.AU.96.BFP90	-C-----CC-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----AC-----G-----GT-----C-----A-----T-----C-----CC-----4617
07.BC.CN.98.98CN009	-C-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----A-----AC-----G-----GT-----C-----A-----T-----T-----T-----3921
08.BC.CN.06.nx2	-C-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----C-----A-----A-----T-----C-----GA-----GC-----T-----A-----CC-----C-----T-----A-----T-----T-----T-----4523
09.Cpx.GH.96.96GH2911	-C-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----GT-----G-----C-----G-----A-----T-----3791
10.CD.TZ.96.96TZ_BF061	-C-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----GT-----G-----A-----A-----3968
11.Cpx.CM.95.95CM_1816	-C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----CA-----AC-----G-----GT-----C-----A-----3953
12.BF.AR.99.ARMA159	-C-----AC-----A-----C-----C-----G-----CC-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----CC-----4594
13.Cpx.CM.96.96CM_1849	-C-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----C-----A-----3994
14.BG.ES.05.X1870	-C-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----AC-----G-----G-----GT-----C-----A-----T-----C-----T-----4056
15.BB.TH.99.99TH_MU2079	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----GC-----G-----GT-----C-----A-----C-----T-----C-----3988
16.AD.KR.99.97KR004	-C-----C-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----C-----C-----GT-----C-----A-----G-----GCC-----3952
17.BF.AR.99.AR00338	-C-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----G-----C-----A-----G-----T-----C-----CA-----AC-----G-----GT-----C-----A-----CC-----3893
18.Cpx.CU.99.CU76	-C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----GC-----C-----G-----GT-----C-----A-----TCC-----3894
19.Cpx.CU.99.CU76	-C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----GC-----C-----G-----GT-----C-----A-----TCC-----3815
20.BG.CU.99.CU103	-C-----G-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----AC-----T-----G-----G-----G-----GT-----C-----A-----CC-----4055
21.A2D.KE.99.KER2003	-C-----G-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----AC-----T-----G-----G-----G-----GT-----C-----A-----GCC-----3794
22.01A1.CM.01.01CM_0001BBY	-C-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----AC-----T-----G-----G-----G-----GT-----C-----A-----Y-----T-----CC-----3797
23.BG.CU.03.CB118	-C-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----AC-----T-----G-----G-----G-----GT-----C-----A-----Y-----T-----CC-----4032
24.BG.ES.08.X2456_2	-C-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----CA-----AC-----T-----G-----G-----GT-----G-----A-----CC-----4040
25.Cpx.CM.02.1918LE	-C-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----GT-----G-----A-----CC-----3797
26.AU.CD.02.02CD_MBTB047	-C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----CA-----AC-----C-----C-----G-----GGGTGG-----C-----A-----4594
27.cpx.FR.04.04CD_FR_KZS	-C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----CA-----AC-----C-----C-----G-----GT-----C-----A-----4580
28.BF.BR.99.BREPM12699	-C-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----CA-----AC-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----C-----3955
29.BF.BR.01.BREPM16704	-C-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----CA-----AC-----G-----T-----GT-----C-----A-----T-----C-----3990
31.BC.BR.04.04BR0142	-C-----CC-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----AC-----T-----GT-----C-----A-----T-----C-----4011
32.BE.EF.01.01EF0159	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----GC-----R-----GT-----C-----A-----Y-----T-----3224
33.01B.ID.97.JKT189_C	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----GC-----R-----GT-----C-----A-----Y-----T-----3890
34.01B.TH.99.OUR2478P	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----GC-----C-----GC-----GT-----C-----A-----T-----3791
35.AD.AF.07.169N	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----G-----C-----A-----GC-----C-----GC-----GT-----C-----A-----T-----3789
36.Cpx.CM.00.00CMNYU830	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----GC-----C-----GC-----GGGT-----C-----A-----T-----3794
37.Cpx.CM.00.00CMNYU926	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----CA-----AC-----G-----C-----GC-----C-----GC-----GGGT-----C-----A-----T-----3779
38.BF.BR.01.UY.03.UY3389	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----CA-----AC-----G-----G-----G-----A-----CC-----4012
39.BF.BR.04.04BRJ179	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----C-----C-----A-----C-----A-----A-----CC-----4066
40.BF.BR.05.05BR05J055	-C-----CC-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----AC-----G-----G-----GT-----C-----A-----CC-----4072
42.BF.LU.03._LU05_03	-C-----R-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----CA-----AC-----G-----G-----T-----GT-----C-----A-----R-----T-----4127
43.026.SA.03.J11223	-C-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----AC-----G-----GT-----C-----A-----CC-----4114
44.BF.CL.00.00.CH80	-C-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----AC-----G-----GT-----C-----A-----T-----4031
45.Cpx.FR.04.04FR_AUK	-C-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----AC-----G-----GT-----C-----A-----T-----4575
46.BF.BR.07.07PB_FPS625	-C-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----CC-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----CA-----AC-----G-----G-----GT-----C-----A-----T-----CT-----4027
47.BF.EB.08.P1942	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----GG-----C-----C-----GC-----C-----A-----A-----CC-----4028
48.01.MY.07.07MYKT021	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----GG-----C-----A-----A-----GG-----C-----C-----GC-----C-----A-----T-----T-----3794
49.cpx.GM.03.N26677	-C-----G-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----AC-----T-----GT-----C-----A-----Y-----T-----3796
51.01B.SG.11.11SG_HM021	-C-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----AC-----T-----GT-----C-----A-----CC-----3796
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----AC-----T-----GT-----C-----A-----T-----3903
53.01B.MY.11.11FIR164	-C-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----GC-----C-----GC-----GT-----C-----A-----C-----T-----3929
54.01B.MY.09.09MYS023	-C-----AC-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----AC-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----A-----3991
55.01B.CN.10.HNC5102056	-C-----GA-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----T-----A-----3899
0.BE.87.ANT70	-C-----A-----G-----C-----A-----C-----AA-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----T-----GT-----C-----A-----C-----GCCT-----4643
0.CM.91.MVP5180	-C-----C-----A-----C-----AA-----A-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----AC-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----ACCT-----4618
0.CM.98.98CM104	-C-----C-----AC-----C-----C-----AA-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----GCCT-----4075
0.FR.92.VAU	-C-----C-----GA-----C-----AA-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----T-----A-----GCCT-----4155
0.SN.99.99SE_MP1299	-C-----C-----C-----C-----A-----C-----AA-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----T-----A-----GCCT-----4642
0.US.10.LTNP	-C-----C-----G-----C-----C-----A-----C-----AA-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----GC-----C-----C-----ACCT-----4564
0.US.97.97US08692A	-C-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----AA-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----G-----T-----A-----GCCT-----4040
N.CM.02.DJ00131	-C-----A-----C-----C-----AA-----A-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----ACC-----4095
N.CM.04.04CM_1015_04	-C-----C-----A-----C-----T-----T-----G-----C-----C-----CT-----T-----A-----K-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----T-----C-----T-----ACCT-----4094
N.CM.06.U14842	-C-----C-----A-----C-----T-----T-----R-----C-----C-----CT-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----C-----T-----ATC-----4096
N.CM.95.YBF30	-C-----C-----G-----A-----C-----T-----T-----G-----G-----C-----CT-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----C-----T-----ATC-----4183
N.CM.97.YBF106	-C-----C-----A-----C-----T-----T-----C-----G-----C-----CT-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----C-----T-----ACC-----4181
N.FR.11.N1.FR.2011	-C-----C-----G-----C-----TA-----C-----C-----CT-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----ACC-----3990
P.CM.06.U14788	-C-----C-----C-----C-----G-----R-----A-----C-----G-----C-----R-----T-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----R-----T-----Y-----G-----GC-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----GCCT-----4624
P.FR.09.RFB168	-C-----C-----CAC-----A-----C-----T-----C-----T-----CC-----G-----A-----A-----T-----A-----R-----T-----Y-----G-----GC-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----GCCT-----4624
CPZ.CD.06.BF1167	-C-----C-----CA-----GG-----T-----A-----C-----G-----TC-----GT-----AT-----AGT-----CA-----T-----TC-----C-----C-----GC-----C-----C-----AG-----C-----A-----T-----AGC-----4691
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-C-----C-----C-----A-----TA-----A-----G-----C-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----C-----C-----GC-----T-----G-----C-----A-----GCCT-----4131
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	-C-----C-----CC-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----C-----T-----G-----C-----G-----T-----C-----A-----T-----GCCT-----4650
CPZ.US.85.US_Marilyn	-C-----C-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----C-----A-----ACCA-----4230

F.R.83.HXB2	TTCACCGGTGCTACGGTTAGGGCCCTGTTGGGGGGAAATCAAGCAGGAATTGGATACTCCCAAAGTCAGGAGTAGTACAATCTATGAATAAAGAAATTAGGACAGGTAAGAGATCAGGTGAACATCTTAAAGACAGCAGTACA	4759
G.PT.x.PT3306	-A-G-A-A-A-A-A- AAC-CA-A-C-R-G-G-	4699
G.SE.93.SE6165_G6165	-A-G-A-A-A-A-A- AAAT-CA-C-G-C-G-	4156
H.BE.93.VI991	-AA-G-A-A-A-A- A-AT-C-C-G-C-G-	4148
H.BE.93.VI997	-AA-G-A-G-A-A-A- A-AT-C-A-C-G-C-G-	4083
H.CF.90.056	-GA-G-A-A-A-A- A-AT-C-A-G-C-G-	4106
H.GB.00.00GBAC4001	-AA-G-G-A-A-A-A- A-TG-C-G-C-G-	4277
J.CD.97.1.97DC_KTB147	-A-G-T-A-A-A-A- A-GG-C-G-C-G-	3953
J.CM.04.04CMU11421	-A-G-T-AA-A-A- A-T-W-R-R-	4265
J.SE.93.SE9280_7887	-A-G-T-G-A-A-A- A-AT-R-C-G-	4073
J.SE.94.SE9173_7022	-A-G-T-G-A-A-A- A-AT-C-A-C-	4074
K.CD.97.97ZR_E0TBT11	-A-GTA-A-A-A- A-AT-C-G-G-	3956
K.CM.96.96CM_MP535	-A-CA-GT-A-A-A- A-TG-C-C-G-	3955
01.AE.AF.07.569M	-A-C-G-A-A-A-A- CAATG-CGA-G-C-G-G-	3965
01.AE.CN.09.1119	-A-C-G-A-A-AA-A- CAATG-CGA-G-C-T-G-	3993
01.AE.HK.04.HK001	-A-C-G-A-A-A-A- CAATG-CGA-G-C-G-C-	4121
01.AE.JP.x.DR0492	-A-C-G-A-A-AA-A- CAATG-CGA-G-C-G-C-	4771
01.AE.TH.04.BKM	-A-C-G-A-A-A-A- CAATG-CGA-G-C-G-C-	4771
01.AE.TH.09.AA111a_WG11	-A-C-G-A-A-A-A- CAATG-CGA-G-C-T-C-	4180
01.AE.TH.90.CM240	-A-C-G-A-A-A-A- CAATG-CGA-G-C-G-C-	4333
01.AE.VN.98.98VNNND15	-A-C-G-A-A-AA-A- CAATG-CGA-G-C-G-C-	4014
02.AG.CM.08.08DE00208CM001	-A-G-A-A-A-A-A- AAATG-CA-A-C-G-C-	4130
02.AG.FR.91.D2563	-A-G-A-A-A-A-G-A- AAATG-CA-A-C-G-G-	4107
02.AG.GH.03.03GH181AG	-A-G-A-A-A-A-A- AAATG-CA-T-C-G-G-	4783
02.AG.NG.x.PO4C4951	-A-G-A-A-G-A-G-A- AAATG-CA-A-C-G-G-	4754
02.AG.NG.X.IBNG	-A-G-A-A-A-A-G-A- AAATG-CA-A-C-G-G-	4284
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	-A-G-A-A-A-A-A- CAA-G-T-CA-C-G-A-G-A-T-	3956
02.AG.US.06.502_2696_FL01	-A-G-A-A-A-A-A- AAATG-CA-A-C-G-G-	3956
02.AG.UZ.02.02U20683	-A-G-A-A-A-A-A- AAATG-CA-A-C-G-G-	3945
03.AB.RU.97.KAL153_2	-A-A-G-A-A-T-A- A-G-C-C-C-C-C-C-	3985
04.cpx.CY.94.94CY032_3	-A-G-A-A-A-A-A- A-AT-C-C-G-C-G-C-	4123
05.DF.BE.x.VI1310	-A-G-G-A-A-A-A- A-T-C-A-G-G-G-G-	4141
06.cpx.AU.96.BFP90	-A-G-A-A-AA-A- AAAT-C-A-C-G-G-G-	4787
07.BC.CN.98.98CN009	-A-A-G-A-A-A-A- A-T-C-A-G-C-G-G-	4091
08.BC.CN.06.nx2	-A-G-A-A-A-A-A- A-T-C-A-G-C-G-G-	4693
09.CDX.GH.96.96GGH2011	-A-G-A-A-A-A-A- AAATG-CA-A-C-G-G-	3969
10.CDX.GH.96.96ZT_BF061	-A-C-TA-AA-A-A- A-T-C-A-G-C-G-C-	3948
11.CDX.GH.95.95CM.1816	-T-A-C-T-A-AA-A- A-T-C-A-G-C-G-C-	4123
12.BF.AR.99.ARMA150	-T-A-C-T-A-AA-A- A-T-C-A-G-C-G-C-	4764
13.CDX.CM.96.96CM.1849	-T-A-G-A-A-A-A-A- AAAT-C-A-C-G-G-G-	4164
14.BG.ES.05.X1870	-A-G-A-A-A-A-A- AAAT-C-A-C-G-G-G-	4226
15.01B.TH.99.99TH_MU2079	-A-C-G-AA-G-A-A- AAATG-CGA-T-G-G-G-	4158
16.A2D.KR.97.97KR004	-T-A-AC-A-A-A-A- A-TG-C-A-G-G-G-	4122
17.BF.AR.99.ARMA038	-G-A-AACG-A-A-A- A-T-C-C-G-G-G-	3973
18.cpx.CU.99.CU76	-A-G-A-A-A-A-T- AAAT-T-CA-A-C-G-C-	4064
19.cpx.CU.99.CU7	-A-C-G-A-A-A-A-A- AAATG-C-A-G-G-G-	3985
20.BG.CU.99.Cu103	-T-A-G-A-A-A-A-A- AAATG-C-A-G-G-G-	4225
21.A2D.KE.99.KER2003	-T-A-G-A-A-A-C-A- A-T-A-G-G-G-G-	3964
22.01A1.CM.01.01CM_0001BBY	-A-C-G-A-G-AA-A- A-A-C-A-G-C-G-G-	3967
23.BG.CU.03.CB118	-T-A-G-A-A-A-A-A- A-AT-CA-C-G-G-G-	4202
24.BG.ES.08.X2456_2	-T-A-G-A-A-A-A-A- A-AT-CA-C-G-G-G-	4210
25.CDX.CD.02.02CD181E	-A-C-CG-A-C-A-A- AAAT-C-A-C-G-G-G-	3967
26.CDX.FR.04.04CD_MT0847	-A-C-G-A-C-A-A-A- AAAT-C-A-C-G-G-G-	4124
27.CDX.FR.04.04CD_FR.KZS	-A-G-A-A-G-A-A-A- A-TG-T-A-C-G-G-	4750
28.BF.BR.99.BRPEPM1269	-A-G-A-G-A-A-A-A- AG-C-G-C-G-G-G-	4125
29.BF.BR.01.BRPEM16704	-A-G-A-C-A-A-A-A- A-T-C-C-G-G-G-	4160
31.BC.BR.04.04BR1424	-AA-AA-A-A-A-A-A- A-C-C-A-G-C-G-G-	4231
32.06A1.EE.01.EE0369	-A-G-A-A-A-A-A- AAAT-T-CA-A-G-G-G-	4394
33.01B.ID.07.JKT1189_C	-A-Y-AG-A-A-A-A- CAATG-C-G-C-G-G-	4060
34.01B.TH.99.QUR2478P	-A-C-G-A-A-A-A-A- CAATG-C-G-C-G-G-	3961
35.AD.AF.07.169H	-A-G-T-A-A-A-A-A- AA-T-C-A-G-G-G-	3955
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	-A-C-G-A-G-A-A-A- A-AT-C-A-G-G-G-	3964
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	-A-C-G-A-A-A-A-A- AAATG-C-A-T-C-G-	3949
38.BF.UY.03.UY03_3389	-T-A-C-A-A-A-A-A- A-T-C-C-G-G-G-	4182
39.BF.BR.04.04BRRKJ179	-A-A-I-A-A-A-A- G-C-C-G-G-G-	4236
40.BF.BR.05.05BRRRJ855	-T-A-CG-C-A-A-A-A- A-G-C-G-G-G-G-	4242
41.BG.ES.03.LUBI_69_03	-Y-A-GT-A-C-A-A-C- A-G-C-G-G-G-G-	4257
43.026.SA.03.031223	-A-CG-C-A-A-A-A- AA-TG-C-A-C-G-G-	4384
44.BF.CL.08.C880	-A-CG-C-A-A-A-A- AA-TG-C-C-G-G-G-	4201
45.CDX.FR.04.04FR_AUK	-A-G-A-G-AA-A-A- ATG-C-A-G-G-G-G-	4745
46.BF.BR.07.07BR_FPS625	-A-CG-C-A-A-A-A- A-T-TC-C-G-G-G-	4197
47.BF.ES.08.P1942	-A-CA-A-A-A-A- G-C-C-G-G-G-	4198
48.01B.MY.07.07MYKT021	-C-G-A-A-A-A-A- CAATG-CG-C-G-G-	3964
49.cpx.GM.03.N26677	-A-C-G-A-A-A-A- A-T-C-A-G-C-G-G-	4181
51.01B.SG.11.11SG.HM021	-A-G-A-C-A-A-A- A-G-C-G-C-G-G-	3966
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	-A-C-G-A-A-A-A- CAATG-C-G-C-G-G-	4073
53.01B.MY.11.11FIR164	-A-C-G-A-A-A-A- CAATG-C-G-C-G-G-	4099
54.01B.MY.09.09MYSB023	-AA-CAA-G-A-A-A-C- GG-C-C-T-G-G-G-	4161
55.01B.CN.10.NHCS102056	-A-C-G-A-A-A-A-A- CAATG-C-G-C-G-G-	4069
0.BE.87.ANT70	-T-AA-A-A-TA-G-A-T- AAAC-AC-A-T-G-G-A-A-T-A-G-C-G-C-G-	4813
0.CM.91.MVP5180	-T-AA-AG-C-A-G-A-T- AAAC-AW-A-T-G-G-A-A-T-A-G-C-G-C-G-	4783
0.CM.98.98CMCA104	-AA-A-C-A-G-A-T-A- AAAC-AC-A-T-G-G-A-A-T-A-G-C-G-C-G-	4245
0.FR.92.VAU	-T-AA-AG-C-A-G-A-T- AAAC-AC-A-T-G-G-A-A-T-A-G-C-G-C-G-	4325
0.SN.99.99SE.MP1299	-T-AA-AG-C-A-G-A-T- AAAC-AC-A-T-G-G-A-A-T-A-G-C-G-C-G-	4812
0.US.10.LTPN	-T-AA-AG-C-A-TA-G-A-T- AAAC-AC-A-T-G-G-A-A-T-A-G-C-G-C-G-	4734
0.US.97.97US08692A	-T-AA-AG-C-A-TA-G-A-T- AAAC-T-AAC-A-T-G-G-A-A-T-A-G-C-G-C-G-	4210
N.CM.02.DJ00131	-TA-C-T-A-A-A-A- AAAT-CA-C-G-A-T-G-G-G-	4265
N.CM.04.04CM_1015_04	-TA-C-T-A-AA-A-A- AAAT-CA-C-G-A-T-G-G-C-G-	4264
N.CM.06.U14842	-TA-C-T-A-AA-A-A- AAAT-CA-C-G-A-T-G-G-C-G-	4266
N.M.95.YBFB96	-TA-C-T-A-AA-A-A- AAAT-CA-C-G-A-T-G-G-C-G-	4353
N.CM.97.YBFB96	-T-TA-C-T-A-AA-A-A- AAAT-CA-C-G-A-T-G-G-C-G-	4353
N.FR.11.NI.FR.2011	-TA-C-T-A-AA-A-A- AAAC-T-AAC-A-T-G-G-C-G-C-G-	4160
P.CM.06.U14788	-T-TA-C-G-A-A-AA-A- CTTAA-T-CA-T-T-G-G-A-G-G-G-	4230
P.FR.09.RBF168	-T-Y-TA-Y-G-A-AR-A- CTTAA-T-CA-T-T-G-G-A-G-G-G-	4774
CPZ.CD.06.BF1167	-T-TA-G-A-A-A-A-C- AAAC-C-A-T-G-G-C-C-G-	4861
CPZ.CD.05.SIVcpzMT145	-T-TA-AA-G-A-A-A-A-C- AAAC-T-G-G-C-G-C-G-	4301
CPZ.GA.88.GAB1	-T-AA-G-A-C-A-T- AAAC-AC-T-G-G-C-G-C-G-	4820
CPZ.T2.06.SIVcpzTAN13	-T-TA-CA-AG-A-A-A-A-C- AAAC-T-G-G-C-G-C-G-	4400
CPZ.US.85.US.Marilyn	-T-TA-AA-G-A-A-A-T-C- AAAC-CAC-A-G-A-G-T-A-G-	4819

B.FR.83.HXB2	AATGGCAGTATTCAACATAATTTAAAGAAAA...GGGGGATTGGGGGTACAGTCAGGGAAAGAATAGTAGACATAATAGCAACAGAC...	ATACAACTAAAGAATTACAAAAACAAA 4878
Pol	M A V F I H N F K R K . G G I G G Y S A G E R I V D I I A T D	I Q T K E L Q K Q 0
A1.AU.03.PS1044 Day0	T	T
A1.CH.03.HIV CH BID_V3538	T	T
A1.ES.06.X2116	T	A
A1.IT.02.60000	T	A
A1.KE.06.06KEst_001	T	A
A1.RU.11.11RU6950	T	A
A1.RW.07.pr463F	T	A
A1.SE.95.SE8538	T	G
A1.TZ.01.A341	T	A
A1.UA.01.01UADN139	T	A
A1.UG.07.p191845	T	A
A1.ZA.04.04ZASK162B1	C T	A
A2.CD.97.97CDK1B48	G	A
A2.CM.01.01CM.1445MV	T	A
A2.CY.94.94CY017_41	T	T
B.AR.04.04AR143174	C	A
B.AU.04.PS1038 Day174	T	A
B.BR.06.DEMB10B0061	G T	A
B.CA.07.507_1191_03	T	A
B.CH.04.HIV CH BID_V4408	T	A
B.CN.10.DEMB10CN002	G T	A
B.CO.01.PCM001	G	A
B.CU.99.Cu19	T	A
B.CY.69.CY266	T	A
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	T	A
B.DK.07.PMVL_011	T	G AG
B.DO.05.05DO_160884	T	A
B.ES.09.P2149_3	T	A
B.FR.08.DEMB08FR002	T	A
B.GE.03.03GEM2004	T	A
B.JP.05.05JPM_129389	T	A
B.JM.07.07JM_K108	T	A
B.JP.05.DR6538	T	A
B.KR.07.07KYY4	T	G
B.NL.00.671_00T36	T	A
B.PE.07.502_2649_w08	T	A T
B.PY.03.03PY_PSP0115	T	A
B.RU.11.11RU21n	T	TG
B.TH.07.AA040a_WG11	G T	A
B.TT.01.01TT_CRC50669	G	A
B.TW.94.TWCYS_LM49	T	A
B.UA.01.01UAKV167	T	G
B.US.05.ES38	T	A
B.UY.02.02UY_TSU1290	T	A
B.VI.10.DEMBI0VE001	T	T
B.YE.02.02YE507	T	TG
C.AR.01.ARG4086	T	A
C.AR.07.DEMB07BR003	T	A
C.BH.00.00WHR621	T	G
C.CN.98.YNRL9840	T	A
C.CY.89.CY266	T	A
C.ES.67.X2118_2	Y T	G
C.ET.02.02ET_288	T	AC T
C.GE.03.03GEM2033	T	A
C.IL.98.98IS002	T	A
C.IN.03.D24	T	A
C.KE.00.KER2010	T	A
C.MM.99.mIDU101_3	T	A
C.MW.93.93MW_965	C T	G
C.SN.90.90SE_364	T	A
C.SO.89.89SM_145	T	A
C.TZ.90.50T	T	G
C.UV.90.98UC_MSC3018	T	A
C.UV.91.TRA3011	T	A
C.YE.02.02YE511	T	A
C.ZA.18.DEMC10ZA001	G T	A
C.ZM.02.02ZM108	T	A
D.CD.83.ELI	T	A
D.CM.10.DEMD10CM009	T	A
D.CY.06.CY163	T	A
D.KE.97.ML415_2	T	A
D.KR.04.04KBH8	T	A
D.SN.90.SE365	T	A
D.TD.99.MN011	T	A
D.TZ.01.A280	T	A
D.UG.08.p191859	T	A
D.YE.02.02YE516	T	A
D.ZA.90.R1	T	A
F1.A0.06.A0_06.ANG125	T	A
F1.AR.02.ARE933	T	A
F1.BE.93.V1850	T	A
F1.BR.07.07BR844	T	A
F1.CS.08.08CS001	T	A
F1.ES.06.DEMF110ES001	G	A
F1.FI.93.FIN9363	T	A
F1.FR.96.96FR_MP411	G T	A
F1.RO.96.BCI_R07	T	AT T
F1.RU.08.D88_845	T	A
F2.CM.10.DEMF210CM007	T	A
F2.CM.97.CM53657	T	A
G.BE.96.DRCBL	G T	A
G.CM.10.DEMG10CM008	G T	A
G.CN.08.GX_2084_08	G T	A
G.CU.99.Cu74	G T	A
G.ES.09.X2634_2	G T	A
G.GH.03.03GH175G	G T	A
G.KE.93.HH8793_12_1	T	T G G A
G.NG.09.09NG_SC62	G T	A

B.FR.83.HXB2	AATGGCAGTATTCAACATAATTTAAAGAAAA...	ATACAAACTAAAGAATTACAAAAACAAA	4878
Pol	M A V F I H N F K R K . G G I G G Y S A G E R I V D I I A T D	I Q T K E L Q K Q	
G.PT.X.PT3306	G-----T-----A-----A-----T-----T-----	C-----C-----C-----C-----	4818
G.SE.93.SE6165_G6165	G-----T-----A-----A-----T-----T-----	C-----C-----C-----C-----	4275
H.BE.93.VI991	T-----C-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4267
H.CF.90.056	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4225
H.GB.00.00GBAC4001	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4396
J.CD.97.J.97DC.KTB147	T-----A-----A-----A-----T-----T-----	G-----G-----G-----G-----	4072
J.CM.04.04CMU1421	R-----W-----AC-Y-C-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4384
J.SE.93.SE9288_7887	A-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4192
J.SE.94.SE9173_7022	G-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4193
K.CD.97.97ZR.EQTBI1	T-----A-----A-----A-----T-----T-----	G-----G-----G-----G-----	4075
K.CM.96.96CM.MP535	T-----A-----A-----A-----T-----T-----	G-----G-----G-----G-----	4074
01.AE.AF.07.569N	T-----A-----A-----A-----G-----G-----	G-----G-----G-----G-----	4084
01.AE.CN.09.1119	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4112
01.AE.HK.04.HK001	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4240
01.AE.JP.X.DR8492	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4890
01.AE.TH.04.TH04	A-----G-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	480
01.AE.TH.09.AA111a.WG11	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	399
01.AE.TN.90.CM240	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4452
01.AE.VN.98.98VNN15	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4133
02.AG.CM.08.00208CM001	G-----T-----AG-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4249
02.AG.ES.06.P1261	G-----T-----AG-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4315
02.AG.FR.91.D1263	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4226
02.AG.GH.03.03GH181AG	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4902
02.AG.LR.X.POC44951	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4873
02.AG.NG.X.IBN	G-----T-----G-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4403
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	G-----T-----G-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4075
02.AG.US.06.502.2696.FL01	G-----T-----G-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4075
02.AG.UZ.02.02020683	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	408
03.AB.RZ.97.00153_2	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	104
04.CP.CY.94.0403032_3	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4244
05.DP.BE.96.VII310	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4260
06.Cpx.AU.96.BFP90	T-----G-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4906
07.BC.CN.98.98CN009	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4210
08.BC.CN.06.nx2	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4812
09.Cpx.GH.96.96GH2911	T-----C-----C-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4080
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4257
11.Cpx.CM.95.95CM.1816	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4242
12.BF.AR.93.ARMA159	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4883
13.Cpx.CM.96.96CM.1849	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4283
14.BG.ES.05.X1870	G-----T-----A-----T-----T-----T-----	T-----C-----C-----C-----	4345
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	T-----A-----T-----T-----T-----T-----	T-----C-----C-----C-----	4277
16.AD.KR.99.97KR004	T-----C-----G-----A-----A-----A-----	T-----C-----C-----C-----	4241
17.BF.AR.99.AR00338	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4092
18.Cpx.CU.99.CU76	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4183
19.Cpx.CU.99.CU7	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4104
20.BG.CU.99.Cu103	T-----A-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4344
21.A2D.KE.99.KER2003	G-----T-----C-----AC-----G-----A-----	T-----A-----C-----C-----	4083
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY	G-----T-----C-----AC-----G-----A-----	T-----A-----C-----C-----	4086
23.BG.CU.03.CB118	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4321
24.BG.ES.08.X2456_2	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4329
25.Cpx.CM.02.1918LE	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4086
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4883
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	G-----T-----A-----G-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4869
28.BF.BR.99.BREPM12609	T-----G-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4244
29.BF.BR.01.BREPM16704	T-----G-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4279
31.BC.BR.04.04BR0142	T-----A-----A-----A-----T-----C-----	C-----C-----C-----C-----	4350
32.CP.CE.01.01CE.01	T-----Y-----R-----R-----A-----	T-----T-----T-----T-----	3
33.01B.ID.97.JKT189_C	T-----Y-----R-----R-----A-----	T-----T-----T-----T-----	4179
34.01B.TH.99.OUR2478P	T-----Y-----R-----A-----A-----	T-----T-----T-----T-----	4080
35.AD.AF.07.169H	T-----A-----A-----A-----T-----A-----	GC-----C-----C-----C-----	4078
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	G-----G-----T-----A-----A-----A-----	A-----T-----T-----T-----	4083
37.Cpx.CM.00.00CMNYU926	G-----T-----A-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4068
38.BF1.UY.03.UY03.3389	T-----A-----A-----A-----T-----T-----	G-----G-----T-----T-----	4301
39.BF.BR.04.04BRJ179	G-----G-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4355
40.BF.BR.05.05BRRRJ055	G-----G-----A-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4361
42.BF.LU.03._LuBF.05.03	G-----T-----R-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4416
43.02G.SA.03.J11223	G-----T-----R-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4403
44.BF.CL.00.CH8C	G-----T-----R-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4320
45.Cpx.FR.04.04FR.AUK	T-----G-----A-----A-----CA-----T-----	G-----G-----G-----G-----	4864
46.BF.ER.07.07FB.FPS625	T-----G-----A-----A-----CA-----T-----	G-----G-----G-----G-----	4316
47.BF.ER.07.07FB.P1942	T-----G-----A-----A-----CA-----T-----	G-----G-----G-----G-----	4317
48.01B.MY.07.07MYKT021	T-----A-----A-----A-----G-----G-----	A-----T-----T-----T-----	4083
49.cpx.GM.03.N26677	G-----T-----C-----A-----A-----A-----	G-----G-----G-----G-----	4300
51.01B.SG.11.11SG.HM021	T-----G-----T-----A-----T-----G-----	C-----C-----C-----C-----	4085
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	T-----G-----T-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4192
53.01B.MY.11.11FIR164	T-----G-----T-----A-----A-----G-----	C-----C-----C-----C-----	4218
54.01B.MY.09.09MYSB023	T-----G-----T-----A-----A-----G-----	C-----C-----C-----C-----	4280
55.01B.CN.10.HNC5102056	T-----G-----T-----A-----A-----A-----	C-----C-----C-----C-----	4188
0.BE.87.ANT70	T-----TG-----A-----A-----G-----A-----	A-----C-----C-----C-----	4932
0.CM.91.MVP5180	T-----TG-----A-----G-----C-----A-----	A-----C-----C-----C-----	4907
0.CM.98.98CMA104	T-----TG-----A-----G-----GT-----A-----	A-----C-----C-----C-----	4364
0.FR.92.VAU	T-----TG-----A-----G-----T-----A-----	A-----C-----C-----C-----	4444
0.SN.99.99SE.MP1299	T-----TG-----A-----G-----A-----A-----	A-----C-----C-----C-----	4931
0.US.10.LTNP	T-----TG-----A-----G-----G-----A-----	A-----C-----C-----C-----	4853
0.US.97.97US08692A	T-----TG-----A-----A-----G-----G-----	A-----C-----C-----C-----	4329
N.CM.02.DJ00131	G-----G-----T-----A-----A-----A-----	A-----C-----A-----C-----	4384
N.CM.04.04CM.1015_04	G-----G-----T-----A-----A-----A-----	G-----A-----C-----A-----	4383
N.CM.06.01U4842	G-----G-----T-----A-----G-----A-----	G-----A-----C-----A-----	4385
N.CM.95.YBF30	G-----G-----T-----A-----G-----A-----	G-----A-----C-----A-----	4472
N.CM.97.YBF106	G-----G-----T-----A-----G-----A-----	G-----A-----C-----A-----	4470
N.FR.11.N1.FR.2011	G-----G-----T-----A-----A-----T-----	G-----A-----C-----A-----	4279
P.CM.06.U14788	T-----TG-----A-----T-----T-----T-----	A-----C-----C-----C-----	4349
P.FR.09.RBF168	T-----TG-----A-----G-----A-----A-----	A-----C-----C-----C-----	4913
CPZ.CD.06.BF1167	T-----G-----A-----T-----T-----T-----	A-----C-----C-----C-----	4980
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	T-----G-----A-----T-----T-----T-----	A-----C-----C-----C-----	4420
CPZ.CM.98.GAB1	T-----G-----A-----G-----A-----C-----	A-----C-----C-----C-----	4939
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	T-----G-----A-----T-----C-----A-----	G-----AC-----C-----C-----	4519
CPZ.US.85.US.Marilyn	T-----G-----A-----T-----C-----A-----	C-----AG-----CTT-----	4938

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

	Vif start
	M E N
B.FR.83.HXB2	5048
Vif	
Pol	
A1.AU.03.PS1044 Day0	4256
A1.CH.03.HIV.CH_BID_V3538	4253
A1.ES.06.X2110	4286
A1.IT.02.600100	5053
A1.KE.06.06KEst_001	4245
A1.RU.11.11RU6950	4572
A1.RW.07.pR463F	5063
A1.SE.95.SE8538	4247
A1.TZ.01.A341	4250
A1.UA.01.01UADN139	4247
A1.UG.07.p191845	5084
A1.ZA.04.04ZASK16281	4489
A2.CD.97.97DKTB48	4388
A2.CM.01.11CM0445MV	4477
A2.CY.94.94CY017_41	4405
B.AR.04.04AR143170	4249
B.BJ.09.09B108Day174	4259
B.BG.09.DEMB0001	4417
B.BR.06.06BR1119	4465
B.CA.07.502.1191_03	4475
B.CH.04.HIV.CH_BID_V4408	4274
B.CN.10.DEMB10CN002	4420
B.CO.01.PCM001	4253
B.CU.99.Cu19	4595
B.CY.09.CY266	4265
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	4286
B.DK.07.PMVL_011	4413
B.DO.05.05DO_160884	4259
B.ES.09.P2149_3	4504
B.FR.08.DEMB08FR002	4410
B.GE.03.03GM2004	4244
B.JP.05.05JP_KJ108	4249
B.JP.05.DR6538	4256
B.KR.07.07KY4	5052
B.NL.00.671_00T36	4714
B.PE.07.502.2649_w08	4613
B.PY.03.03PY_PSP0115	4515
B.RU.11.11RU21n	4256
B.TH.07.AA040a_WG11	4619
B.TT.01.01TT_CRC50669	4400
B.TW.94.TWCYS_LM49	5049
B.UA.01.01UAKV167	4268
B.US.05.05US	4274
B.US.02.02UV_TSU1290	4283
B.VE.10.DEMB10VE001	4250
B.YE.02.02YE507	4400
C.AR.01.AR4006	4265
C.BR.07.DEMC07BR003	4232
C.BW.00.00BW07621	4380
C.CN.98.YNRL9840	4401
C.CY.09.CY266	4232
C.ES.07.X2118_2	4271
C.ET.02.02ET_288	4464
C.GE.03.03GEMZ033	4250
C.IL.98.98IS002	4229
C.IN.03.D24	4382
C.KE.00.KER2010	5084
C.MM.99.mIDU101_3	4229
C.MW.93.93MW_965	4399
C.SN.90.90SE_364	4235
C.SO.89.89SM_145	4247
C.US.98.98US_MSC3018	4229
C.UY.01.TRA3011	4223
C.YE.02.02YE511	4219
C.ZA.10.DEMC10ZA001	4223
C.ZM.02.02ZM108	4388
D.CD.83.ELI	5017
D.CM.10.DEMD10CM009	4594
D.CY.06.CY163	4423
D.KE.97.ML415_2	4256
D.KR.04.04KBHB	4514
D.SN.90.SE365	5007
D.TD.99.MN011	5065
D.TZ.01.A280	4272
D.UG.08.p191859	4249
D.YE.02.02YE516	5066
D.ZA.90.R1	4259
F1.AO.06.A0.06.ANG125	4394
F1.AR.02.ARE933	4151
F1.BE.93.V1858	4343
F1.BR.07.07B7B344	4388
F1.CS.08.CY22	4899
F1.ES.11.DEMF110ES001	4241
F1.FI.93.FIN9363	4384
F1.FR.96.96FR_MP411	4377
F1.RO.96.BCI_R07	4250
F1.RU.08.D88.845	5072
F2.CM.10.DEMF210CM007	4507
F2.CM.97.CM53657	4395
G.BE.96.DRCBL	5005
G.CM.10.DEMG10CM008	4429
G.CN.08.GX_2084_08	4288
G.CU.99.Cu74	4652
G.ES.09.X2634_2	4531
G.GH.03.03GH175G	5088
G.KE.93.HH8793_12_1	4448
G.NG.09.09NG_SC62	4240

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

F.R. 83.HXB2		Vif		Pol		Gag-For, and p51 integrase cDNA			
A1.AU.03.PS1044	Day0	R	W	Q	V	M	I	D	#
A1.CH.03.HIV	CH-BID_V3538	M	A	G	D	D	C	V	S
A1.E5.06.X2110		A	R	T	W	K	L	V	H
A1.II.02.60000		S	R	E	D	H	M	Y	V
A1.KE.06.06KELST_001		A	A	A	A	A	A	A	A
A1.RU.07.11RU6950		C	C	C	G	T	T	A	A
A1.RW.07.07RW635F		C	C	C	G	T	T	A	A
A1.SZ.95.5E8898		C	C	C	G	T	T	A	A
A1.ZZ.01.A341		C	C	C	G	T	T	A	A
A1.UA.01.01UA6N139		C	C	C	G	T	T	A	A
A1.UG.07.p191845		C	C	C	G	T	T	A	A
A1.ZA.04.04ZASK162B1		C	C	C	G	T	T	A	A
A2.CD.97.97CDKTB48		C	C	C	G	T	T	A	A
A2.CM.01.01CM.1445MV		C	C	C	G	T	T	A	A
A2.CY.94.94CY017_41		C	C	C	G	T	T	A	A
B.AR.04.04AR143170		R	-	-	G	-	-	A	C
B.AU.04.PS1038	Day174	A	-	-	A	-	-	RY	A
B.BO.09.DEMB09B0001		A	-	-	C	-	-	AA	A
B.BR.06.06BR1119		A	-	-	C	-	-	A	G
B.CA.07.502_1191_03		A	-	-	C	-	-	A	A
B.CH.04.HIV	CH-BID_V4408	A	-	-	C	-	-	A	A
B.CN.10.DEMB10CN002		A	-	-	C	-	-	A	A
B.CO.01.PCM001		A	-	-	C	-	-	A	A
B.CU.99.CU19		A	-	-	C	-	-	A	A
B.CU.99.CU66		A	-	-	C	-	-	A	A
B.DE.08.HIV	DE-BID_V4131	A	-	-	C	-	-	A	A
B.DE.07.PML_011		A	-	-	C	-	-	A	A
B.DQ.05.05DO_160884		A	-	-	C	-	-	A	A
B.ES.08.P2149_3		A	-	-	C	-	-	A	A
B.FR.08.DEMB08FR002		A	-	-	C	-	-	A	A
B.GE.03.03GEMZ004		A	-	-	C	-	-	A	A
B.HT.05.05HT_129389		A	-	-	C	-	-	A	A
B.JM.05.05JM_KJ108		A	-	-	C	-	-	A	A
B.JP.05.DR6538		A	-	-	C	-	-	A	A
B.KR.07.07KY4		A	-	-	C	-	-	A	A
B.NL.06.671_00T36		A	-	-	C	-	-	A	A
B.PE.07.502_2649_wg8		A	-	-	C	-	-	A	A
B.PY.03.03P_PSP0115		A	-	-	C	-	-	A	A
B.RU.13.01RU2121		A	-	-	C	-	-	A	A
B.TH.07.AA04001_WG11		A	-	-	C	-	-	A	A
B.TI.01.01TCRC50069		A	-	-	C	-	-	A	A
B.TW.94.TWCYS_LM49		A	-	-	C	-	-	A	A
B.UA.01.01UAVK167		A	-	-	C	-	-	A	A
B.US.11.ES38		A	-	-	C	-	-	A	A
B.UY.02.02U_TSU1290		A	-	-	C	-	-	A	A
B.VE.10.DEMB10VE001		A	-	-	C	-	-	A	A
B.YE.02.02YE507		A	-	-	C	-	-	A	A
C.AR.01.ARGA4096		C	-	-	C	-	-	A	A
C.BR.07.DEMC07BR003		C	-	-	C	-	-	A	A
C.BW.00.00BW07621		C	-	-	C	-	-	A	A
C.CN.98.YNRLS9840		C	-	-	C	-	-	A	A
C.CY.09.CY260		C	-	-	C	-	-	A	A
C.ES.07.X2118_2		C	-	-	C	-	-	A	A
C.ET.02.02ET_288		C	-	-	C	-	-	A	A
C.GE.03.03GEMZ093		C	-	-	C	-	-	A	A
C.IL.98.9815002		C	-	-	C	-	-	A	A
C.IN.03.DEMC019		C	-	-	C	-	-	A	A
C.KE.08.08ER2019		C	-	-	C	-	-	A	A
C.MR.99.mIDU101_3		C	-	-	C	-	-	A	A
C.MV.93.93MW_965		C	-	-	C	-	-	A	A
C.SN.90.90SE_364		C	-	-	C	-	-	A	A
C.SO.89.89SM_145		C	-	-	C	-	-	A	A
C.TZ.02.C0178		C	-	-	C	-	-	A	A
C.US.98.98US_MSC3018		C	-	-	C	-	-	A	A
C.UY.01.TRA3011		C	-	-	C	-	-	A	A
C.YE.02.02YE511		C	-	-	C	-	-	A	A
C.ZA.10.DEMC10ZA001		C	-	-	C	-	-	A	A
C.ZM.02.02ZM108		C	-	-	C	-	-	A	A
D.CD.83.ELI		A	-	-	A	-	-	ACA	A
D.CM.10.DEMD10CM009		G	-	-	G	-	-	A	A
D.CY.06.CY163		G	-	-	G	-	-	A	A
D.KE.97.ML415_2		G	-	-	G	-	-	A	A
D.KR.04.04KKBH8		G	-	-	G	-	-	A	A
D.SN.90.SE365		G	-	-	G	-	-	A	A
D.ID.99.MN011		G	-	-	G	-	-	A	A
D.IZ.01.A280		G	-	-	G	-	-	A	A
D.UG.08.p191859		G	-	-	G	-	-	A	A
D.YE.02.02YE516		G	-	-	G	-	-	A	A
D.ZA.90.R1		G	-	-	G	-	-	A	A
F1.AO.06.AO_06_ANG125		A	-	-	A	-	-	ACA	A
F1.AR.97.ARPE833		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F1.EI.97.V1880		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F1.BR.07.07BR844		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F1.CY.08.CY222		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F1.ES.11.DEME11ES001		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F1.FI.93.FIN9363		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F1.FR.96.96FR_MP411		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F1.RO.96.BCI_R07		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F1.RU.08.D88_845		A	-	-	A	-	-	AAA	A
F2.CM.10.DEMF210CM007		C	-	-	C	-	-	AAA	A
F2.CM.97.CM53657		G	-	-	G	-	-	GG	A
G.BE.96.DRCBL		G	-	-	G	-	-	GG	A
G.CM.10.DEMG10CM008		G	-	-	G	-	-	GG	A
G.CN.08.GW_2084_08		G	-	-	G	-	-	GG	A
G.CU.99.CU74		G	-	-	G	-	-	GG	A
G.ES.09.X2634_2		G	-	-	G	-	-	GG	A
G.GH.03.03GH175G		G	-	-	G	-	-	GG	A
G.KE.93.HRH793_12_1		G	-	-	G	-	-	GG	A
G.NG.09.09NC_SG62		G	-	-	G	-	-	GG	A

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

F.R.83.HXB2	Vif	ACTAGGG...GAT...GCTAGA...TTGGAATAACACATATTGG...GGTCTGCATAAGAGAAAGAGACTGGCATTTGGTCAGGGAGAATGAGATATAGCACAAGTAGACCCTGAACAGCACCACAAATTCTGTATT	5371
A1.UU.03.PS1044	Day0	-T-G...D-A-R-L-V-I-T-Y-W...G-L-H-T-G-E-R-D-W-H-L-G-Q-G-V-S-I-E-W-R-K-K-R-Y-S-T-Q-V-P-E-L-A-D-Q-L-I-H-L-Y	C-C-4579
A1.CH.03.HIV_BID_V3538		-T-G...-A-G...-A-GG...-G-G...-A-A...-A-G...-A-T...-A-C...-T-G...-A-T...-C-G...-A-C...-A-T...-C-G...-A-A-C-	4576
A1.E5.06.X115		-A-A...-A-G...-A-AA...-G-G...-C-A...-G-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-G...-A-T...-C-T...-A-C...-A-T...-C-G...	4606
A1.UU.03.60809		-A-A...-A-G...-A-G...-C-A...-G-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-G...-A-T...-C-T...-A-C...-A-T...-C-G...	4676
A1.KE.06.06KEct_001		-A-A...-A-G...-G-C-A...-G-G...-A-G...-A-A...-A-C...-T-G...-A-T...-C-T...-A-C...-A-T...-C-G...-A-A-C-	4568
A1.RU.11.1PBU9590		-A-A...-A-G...-G-C-A...-G-G...-A-G...-A-A...-A-C...-T-G...-A-T...-C-T...-A-C...-A-T...-C-G...-A-C-G-	4581
A1.RW.07.PR463F		-A-A...-A-G...-A-G...-G-C-A...-G-G...-A-G...-A-A...-A-C...-T-G...-A-T...-C-T...-A-C...-A-T...-C-G...-A-C-	5386
A1.SI.95.S5E8538		-A-A...-G...-A-A...-A-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-T-G...-A-T...-C-TG...-A-A...-A-T...-T-G...-A-C-G...	4570
A1.TZ.01.A341		-A-A...-G...-A-G...-G-C-A...-G-G...-A-G...-A-A...-A-C...-T-G...-A-T...-C-T...-A-C...-A-T...-C-G...-A-C-	4573
A1.UA.01.01UAUDN139		-A-A...-A-G...-A-G...-G-C-A...-G-G...-A-G...-A-A...-A-C...-T-G...-A-T...-C-T...-A-C...-A-T...-C-G...-A-C-	4570
A1.UG.07.p191845		-A-A...-A-G...-A-G...-G-C-A...-G-G...-A-G...-A-A...-A-C...-T-G...-A-T...-C-T...-A-C...-A-T...-C-G...-A-C-	4572
A1.ZA.04.04ZAKS162B1		-A-A...-A-G...-A-G...-G-C-A...-G-G...-A-G...-A-A...-A-C...-T-G...-A-C...-T-G-C...-A-C...-A-T...-T-T...	4212
A2.CD.97.97CDKTB48		G-G...-AA...-G...-AA-G...-G-G...-CC-A...-A-C...-T-G...-A-C...-T-G...-A-C...-C-GGA...-G-C-T-A...-A-T...-T-G...-T-C...	4711
A2.CM.01.01CM_1445MV		G-G...-AA...-A-A...-AA-G...-G-G...-CC-A...-A-A...-T-G...-A-C...-T-G...-A-C...-C-G-A-G...-C-T-A...-A-T...-T-G...-G-T...	4570
A2.CY.94.94CY017_41		G-G...-A...-A-A...-G-G...-C-I...-A...-A-C...-T-G...-A-C...-C-L-C-G...-CAT...-A...-I...-C-L-C-G...-CAT...-A...-I-G...-T-I-C...	4728
B1.AR.04.04AR143170		-GA...-G-A...-G-A...-G-A...-Y...-G...-T...-C...-G-G...-A-G...-A-T...-C-G...-A-C...-G-A...-A-T...-A-T...-A-C...	4572
B1.AU.04.PS1038_Day174		-GAT...-A-A...-AA-A...-A-A...-Y...-G...-T...-C...-G-G...-A-G...-A-T...-C-G...-A-C...-G-A...-A-T...-A-C...-A-CM...	4555
B1.BQ.09.DEMB09B0001		-A-A...-A-A...-AA-A...-A-A...-Y...-G...-T...-C...-G-G...-A-G...-A-T...-C-G...-A-C...-G-A...-A-T...-A-C...-GC...	4740
B1.BR.06.06BEB1119		-A-A...-AAC-A...-A-A...-G-G...-G-A...-A-T...-A-C...-T-G...-A-C...-T-G...-C-C...-A-TA...-CA-CG...	4778
B1.CA.05.509119_03		-G-A...-A-G...-G-G...-G-A...-A-TG...-C-A...-C...-T-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4743
B1.CH.04.HIV_CE_BID_V4408		-A-A...-A-G...-G-G...-G-A...-A-TG...-C-A...-C...-T-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4743
B1.CO.01.CPM001		-A-A...-AA-A...-A-G...-G-G...-G-A...-A-TG...-C-A...-C...-T-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4576
B1.CU.99.CU19		-A-A...-AA-A...-A-G...-G-G...-G-A...-A-TG...-C-A...-C...-T-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4576
B1.CY.89.CY266		-A-A...-AA-A...-A-G...-G-G...-G-A...-A-TG...-C-A...-C...-T-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4518
B1.DE.04.HIV_DE_BID_V4131		G-G...-AA...-A-G...-G-G...-G-A...-A-TG...-C-A...-C...-T-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4609
B1.DK.07.PMVL_011		-A-A...-A-A...-A-G...-G-G...-G-A...-A-TG...-C-A...-C...-T-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4736
B1.DO.05.05DO_160884		-A-A...-A-A...-A-G...-G-G...-G-A...-A-TG...-C-A...-C...-T-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4582
B1.ES.09.P2149_3		-T-A...-A-A...-T-A...-A-G...-C-C...-T-T...-TG...-A-G...-A-C...-G-C...-T-A...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...	4827
B1.FR.08.DEMB08FR002		-AG-A...-A-A...-G-T...-A-C...-T-T...-T-G...-A-C...-G-C...-C-A...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...	4733
B1.GE.03.03GEMZ004		-A-A...-G-T...-CA-A...-C-T...-T-T...-A-G...-A-C...-G-C...-C-A...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...	4567
B1.HT.05.05HT_129389		T-T...-C-A...-A-G-A...-G-AG...-T-T...-G-A...-A-C...-G-A...-A-G...-A-T...-C-G...-A-C...-A-C...-A-C...	4572
B1.JM.05.05JM_KJ108		-A-A...-A-A...-G-G...-G-C...-C-C...-A-C...-G-A...-A-G...-A-T...-C-G...-A-C...-A-C...-A-C...	4579
B1.JP.05.DR6538		-A-A...-A-A...-G-G...-G-C...-C-C...-A-C...-G-A...-A-G...-A-T...-C-G...-A-C...-A-C...-A-C...	5024
B1.KR.05.05KY14		-A-A...-A-A...-G-G...-G-C...-C-C...-A-C...-G-A...-A-G...-A-T...-C-G...-A-C...-A-C...-A-C...	4936
B1.PE.09.67KA0136		-A-A...-CC-A...-G-G...-G-C...-C-C...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4838
B1.PY.03.03PY_PSP0115		-A-A...-T-C...-G-G...-G-C...-C-C...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4797
B1.RU.11.11RU21n		-T-A...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-C-C...-C-C...-G-A...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...	4942
B1.TH.07.AA049a_WG11		-A-A...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-C-C...-C-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4723
B1.TT.01.01TT_CRC50069		-A-A...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-T-T...-TG...-GG...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4590
B1.TW.94.TWCYS_LM49		-C-C...-A-A...-A-G-T...-G-A...-A-A...-G-A...-A-A...-G-A...-A-A...-A-A...-A-C...-CT...	5372
B1.UA.01.01UAKV167		-A-A...-A-G...-G-A...-A-G...-A-C...-A-A...-G-A...-A-A...-A-A...-A-A...-A-A...-A-C...-CT...	5306
B1.US.11.ES38		-A-G...-A-G...-A-G...-A-C...-A-A...-G-A...-A-A...-G-A...-A-A...-A-A...-A-C...-G-C...-G...	4573
B1.UY.10.DEMB10VE001		-A-G...-A-G...-A-G...-A-C...-A-A...-G-A...-A-A...-G-A...-A-A...-A-A...-A-C...-G-C...-G...	4723
B1.YE.02.02YE507		-C-C...-G-A...-AC...-A-A...-A-C...-A-A...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4588
C1.AR.01.ARGA4006		-T-A...-A-A...-A-T...-T-A...-T-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4555
C1.BR.07.DEMC07BR003		-G-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4703
C1.BW.00.00BW007621		-T-A...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4724
C1.CN.98.YNRL9840		-T-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4555
C1.CY.07.07X118_2		-T-G...-A-C...-A-A...-G-G...-G-C...-C-C...-A-C...-G-A...-A-G...-A-T...-C-G...-G-C...-G-C...-G-C...	4555
C1.EE.02.02ETE238		TT-T-A...-A-A...-A-G...-A-G...-A-T-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4573
C1.GE.03.03GEMZ033		-T-A...-A-A...-A-A...-A-G...-A-G...-A-T-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4552
C1.IL.98.98TIS002		-T-G...-A-A...-A-A...-A-G...-A-G...-A-T-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4705
C1.IN.03.D24		-T-G...-A-A...-A-A...-A-G...-A-G...-A-T-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	5407
C1.KE.00.KER2010		-T-G...-A-A...-A-A...-A-G...-A-G...-A-T-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4552
C1.MM.99.01DU101_3		-T-G...-G-A...-A-A...-A-G...-A-G...-A-T-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4722
C1.MW.93.93RMW_965		-T-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4558
C1.SN.90.90SE_364		-T-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4540
C1.SO.89.89SM_145		-T-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4592
C1.TZ.02.C0178		-T-GG...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4552
C1.US.98.98US_MSC3018		-T-GG...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4552
C1.YU.01.01RA3011		-T-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4546
C1.YE.02.02YE505		-T-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4542
C1.ZA.02.02DE102A001		-T-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	5407
C1.ZM.02.02ZN108		-T-G...-A-A...-A-A...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	5407
D1.CD.83.ELT		-A-A...-A-A...-A-C...-G-A...-A-T...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...	4917
D1.CY.06.06MD10CM009		-T-A...-A-A...-A-C...-G-G...-A-T...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...	4466
D1.CY.06.CY163		-T-A...-A-A...-A-C...-G-G...-A-T...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...-A-C...	4579
D1.KE.97.ML415_2		-A-A...-A-A...-A-A...-A-G...-G-G...-A-T...-A-C...-A-C...-G-G...-A-C...-G-C...-G-C...-G-C...-G-C...	4837
D1.KR.04.04KBH8		-A-A...-A-A...-A-A...-A-G...-G-G...-A-T...-A-C...-A-C...-G-G...-A-C...-G-C...-G-C...-G-C...-G-C...	5330
D1.SN.90.SE365		-T-A...-A-A...-A-C...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4588
D1.TD.99.MN011		-T-A...-A-A...-A-C...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4595
D1.TZ.01.A280		-T-A...-A-C...-C-G...-G-G...-A-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4572
D1.UG.08.0191859		-T-A...-G-A...-A-C...-G-G...-G-G...-A-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	5382
D1.YE.02.02YE516		-T-G...-A-G...-A-C...-G-G...-G-G...-A-A...-A-C...-T-T...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...-TG...-G...	4582
D1.ZA.99.R1		-A-A...-A-G...-A-C...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-C-CT...-A-A...-A-C...-G-C...-G-C...-G-C...-G-C...	471717
F1.A0.06.A0_06.ANG125		-AA-A...-A-A...-A-A...-A-C...-CATA...-C-C...-T-C...-C-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4474
F1.AR.02.ARE933		-A-A...-A-A...-A-A...-A-T...-C-C...-C-C...-T-C...-C-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4665
F1.BE.93.V1850		-A-A...-A-A...-T-A...-A-A...-G-G...-CC-A...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4474
F1.BR.07.07BR844		-AAT...-A-G...-A-G...-A-G...-G-T...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4552
F1.CY.08.CY222		-A-A...-A-A...-T-A...-A-A...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4565
F1.E5.11.DEM110E001		-A-A...-A-A...-A-A...-C-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4567
F1.FE.93.F0936		-C-A...-A-A...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...-A-G...	4700
F1.FR.06.F06FR_P411		-A-A...-A-A...-A-A...-A-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4565
F1.R0.06.BC1_R07		-A-A...-A-A...-A-A...-A-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4565
F1.RU.08.D85_845		-A-A...-A-A...-A-A...-A-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4830
F2.CM.10.DEMF10CM007		-AA-A...-GATT-A...-C-G-T-C...-A-C...-G-T-C...-C-C...-G-C...-G-C...-A-RG...-G-G...-G-G...-G-G...	4721
F2.CM.97.CMS9557		-AA-A...-GATT-A...-A-G-T-GC...-A-A...-G-T...-A-C...-G-T...-C-C...-G-C...-G-C...-G-C...-G-C...	4564
G1.BE.96.DRCB1		-A-A...-A-A...-A-C...-A-G...-G-G...-A-C...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	5328
G1.CN.10.DEMG10CM008		-A-A...-A-A...-A-C...-A-G...-G-G...-A-C...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4565
G1.CN.08.XW084_08		-A-A...-A-A...-A-C...-A-G...-G-G...-A-C...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4611
G1.CU.99.CU74		-A-A...-A-A...-A-C...-A-G...-G-G...-A-C...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4975
G1.ES.09.X2634_2		-T-A...-A-A...-A-C...-A-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4845
G1.GH.03.03GH175G		-A-A...-A-A...-A-C...-A-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	5411
G1.KE.93.HH78793_12_1		-A-A...-A-A...-A-C...-A-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4771
G1.NG.09.09NG_SCG2		-AA-A...-A-A...-A-C...-A-G...-G-G...-A-G...-A-T...-A-C...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...-G-G...	4633

B.FR.83.HXB2	ATTTGACTGTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGGCCATTAGGACACATAGTGTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGA...CATAAACAAGTAGGATCTCTACAATACTGGCACTAGGACGCTTAATA...ACACCA.....AAAAAGATAAAG.....5520
Vif	Y_F_D_C_F_S_D_S_A_I_R_K_A_L_L_G_H_I_V_S_P_R_C_E_Y_Q_A_G_.....H_N_K_V_G_S_L_O_Y_L_A_L_A_L_I_.....T_P_.....K_K_I_K_.....
G.PT.X.PT3306	-T-A-T-A-C-G-A-A-A-G-AT-A-T-.....T-T-GAA-G-C-AG.....5460
G.SE.93.SE6195_G6165	-T-T-T-C-G-A-A-A-A-G-.....T-T-GAA-T-G-.....G-C-.....4919
H.BE.93.VI991	-T-T-T-C-G-A-A-TA-T-G-T-C-TT-C-GA-T-.....T-T-GAA-G-C-.....4909
H.BE.93.VI997	-T-T-T-C-G-A-A-TA-C-GGA-A-GAG-.....T-T-GAA-T-G-.....G-C-.....4844
H.CF.90.056	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-.....T-T-GAA-T-G-.....G-C-.....4847
H.GB.00.00GBAC4001	-T-T-A-C-G-A-A-C-G-A-A-.....T-T-G-TAT-T-A-C-C-A-.....T-T-G-C-A-T-A-.....T-T-GAA-G-C-.....G-C-.....5038
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-T-T-T-C-G-A-A-AG-C-G-A-A-T-.....T-T-G-C-A-T-A-.....T-T-GAA-G-C-.....G-C-.....4714
J.CM.94.04CMU1422	-T-T-T-C-G-A-A-W-T-R-C-C-C-.....T-T-GAA-T-G-.....M-R-G-.....5026
J.SE.93.SE9288_7887	-T-T-T-C-G-A-A-A-C-G-C-.....T-T-GAA-T-G-.....G-G-.....4834
J.SE.94.SE9173_7022	-T-T-T-C-G-A-A-A-C-G-C-.....T-T-GAA-T-G-.....G-G-.....4835
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-T-T-T-C-G-A-C-T-G-T-.....C-C-.....CT-G-T-T-A-G-T-.....G-C-A-.....4712
K.CM.96.96CM.MP535	-T-T-T-C-G-A-A-AG-G-C-.....T-T-G-C-A-T-C-A-.....G-G-CC-.....4716
01.AE.AF.07.569N	-T-T-T-C-G-A-A-AG-A-A-C-C-T-.....C-C-T-.....G-C-A-.....4726
01.AE.CN.09.1119	-T-T-T-C-G-A-A-AG-ATA-C-G-C-.....T-T-GAA-C-T-.....GA-G-.....4754
01.AE.HK.04.HK001	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....GG-G-.....4882
01.AE.JP.X.DR6492	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....5532
01.AE.TH.04.TH04	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....4772
01.AE.TH.09-AA111a.WG11	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....4941
01.AE.VN.98.2008CM001	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....5094
02.AG.ES.06.P1261	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....4775
02.AG.FR.91.D1263	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....4868
02.AG.GH.03.03GH181AG	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....5544
02.AG.LR.x.POCA4951	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....5515
02.AG.NG.x.IBN	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....5045
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....4717
02.AG.US.06.502.2696.FL01	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....4710
02.AG.US.02.02UZ0683	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-AG-G-.....4710
03.AR.RZ.97.0153.2	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4746
04.CP.CY.94.04C032.3	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4786
05.DP.BE.VII310	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-T-G-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4902
06.Cpx.AU.96.BFP90	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5548
07.BC.CN.98.98CN09	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4855
08.BC.CN.06.nx2	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5457
09.cpx.GH.96.96GH2911	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4722
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4899
11.cpx.CM.95.95CM.1816	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-A-.....4884
12.BF.AR.93.ARMA159	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5525
13.cpx.CM.96.96CM.1849	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4925
14.BG.ES.05.X1870	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4987
15.01B.TH.99.99TH.MW2079	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4916
16.AD.KR.99.97KR004	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4883
17.BF.AR.99.99AFR038	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4824
18.cpx.CU.99.CU76	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4825
19.cpx.CU.99.CU7	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4746
20.BG.CU.99.CU103	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4986
21.A2D.KE.99.KER2003	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-C-.....4725
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-C-.....4728
23.BG.CU.03.CB118	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4963
24.BG.ES.08.X2456.2	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4971
25.cpx.CM.02.1918LE	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4728
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-A-.....5525
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-A-.....5511
28.BF.BR.99.BREPM12699	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4886
29.BF.BR.01.BREPM16704	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4924
31.BC.BR.04.04BFRI42	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5192
32.CP.EF.01.01EF0159	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5155
33.01B.ID.97.JKT189.C	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4821
34.01B.TH.99.0UR2478P	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4722
35.AD.AF.07.169H	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4720
36.cpx.CM.00.00CMNYU1830	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4725
37.cpx.CM.00.00CMNYU1926	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-A-G-.....4710
38.BF.UY.03.UY03.3389	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-A-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-G-.....4943
39.BF.BR.04.04BRRJ179	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-C-.....4997
40.BF.BR.05.05BRRJ055	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....A-A-.....5003
42.BF.LU.03.LUBT.05.03	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....A-A-.....5058
43.026.SA.03.J11223	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....A-A-.....5045
44.BF.CL.00.09.CH80	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....A-G-.....4962
45.Cpx.FR.04.04FR.AUK	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....A-G-.....5356
46.BF.BR.07.07PB.FPS625	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4958
47.BF.EG.08.P1842	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-TA-.....4962
48.01.MY.07.07MYKT021	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4725
49.cpx.GM.03.N26677	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4942
51.01B.SG.11.11SG.HM021	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4727
52.01B.MY.03.03MYKL018.1	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4834
53.01B.MY.11.11FIR164	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4857
54.01B.MY.09.09MSB023	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4922
55.01B.CN.10.HNC5102056	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4830
0.BE.87.ANT70	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5574
0.CM.91.MVP5180	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5549
0.CM.98.98CMA104	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5006
0.FR.92.VAU	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5086
0.SN.99.99SE.MP1299	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5573
0.US.10.LTNP	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5495
0.US.97.97US08692A	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4971
N.CM.02.DJ00131	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5026
N.CM.04.04CM.1015.04	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5025
N.CM.06.U14842	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5027
N.CM.95.YBF30	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5114
N.CM.97.YBF106	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5112
N.FR.11.NI.FR.2011	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4921
P.CM.06.U14788	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....4991
P.FR.09.RFB168	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5555
CPZ.CM.06.BF1167	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5631
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5062
CPZ.CP.ZB.88.GAB1	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5584
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5176
CPZ.US.85.US.Marilyn	-T-T-T-C-G-A-A-C-G-C-A-C-T-.....C-C-T-.....G-G-.....5580

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

	Rev exon 1 start	Vpr end	Rev exon 1 start
B.FR.83.HXB2			
Vpr (framshifted)			
Tat exon 1			
Rev exon 1			
A1.AU.03.P51044 Day0	-G-----T-G-----Y-A-C-----T-----C-----A-A-C-C-----A-----T-C-A-G-C-T-C-G-AC-G-G		5199
A1.CH.03.HIV-CH_BID_V3538	-GG-----T-G-----A-C-----T-----G-----C-C-----A-C-----G-----T-C-A-G-G-----AG-C-----5199		5229
A1.ES.06.X2110	-GG-----T-G-----A-C-----T-----G-----A-G-C-A-----AT-A-C-C-C-----A-----G-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----GC-----5196		5188
A1.IT.02.60000	-G-----T-----A-C-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----A-T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----5115		6006
A1.KE.06.06KECs_001	-G-----T-C-----A-C-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----A-----5193		5190
A1.RU.11.11RU6950	-G-----T-G-----C-A-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----CC-----5190		5190
A1.RW.07.pR463F	-GG-----T-G-----C-A-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----AC-----5188		5193
A1.SE.95.SE8538	-GG-----T-G-----A-CA-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----5190		5190
A1.TZ.01.A341	-G-----T-G-----A-C-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----AC-----5190		5190
A1.UA.01.01UA1139	-G-----T-----A-CA-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----AC-----5190		5348
A1.UG.07.D191845	-G-----C-----A-C-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----6027		5192
A1.ZA.04.DEMB162B1	-GG-----G-----A-C-----T-----G-----C-C-----G-C-----A-----G-----T-C-----GG-----C-C-T-C-G-AC-G-G-----GA-----5192		5192
A2.CD.07.97CD1008	-GG-----A-----CT-----G-----C-----A-----T-----GG-----A-----AG-G-----TC-----AC-----GG-----CC-----5190		5190
A2.CM.01.01CM.1445MV	-GG-----A-----C-A-----T-----G-----A-----T-----GG-----G-----GT-----AC-----GG-----CC-----5190		5190
A2.CY.94.94CY017 41	-GG-----A-----C-----T-----G-----A-----T-----GG-----A-----GT-----AC-----G-----AC-----CC-----5190		5192
B.AR.04.04AR143170	-C-----G-----A-C-----A-----G-----GA-----C-----Y-C-----T-----A-----G-----5192		5205
B.AR.04.DS1038 Day174	-A-----CT-----A-----G-----CA-----GG-----C-----Y-C-----T-----A-----G-----5192		5360
B.BR.06.06BR1119	-G-----A-----T-----C-----A-----G-----AT-----A-C-----C-----CG-A-----G-----5192		5402
B.CA.07.502_1191_03	-G-----A-----C-----T-----C-----G-----AT-----A-C-----C-----CG-A-----G-----5192		5421
B.CH.04.HIV-CH_BID_V4408	-G-----A-----T-----C-----G-----A-----AT-----A-TC-----G-----T-C-A-----G-----5192		5362
B.CN.10.DEMB10CN002	-G-----A-----T-----C-----G-----A-----AT-----A-TC-----G-----T-C-A-----G-----5192		5193
B.CO.01.PCM001	-G-----A-----T-----C-----G-----A-----AT-----A-TC-----G-----T-C-A-----G-----5192		5193
B.CU.99.Cu19	-G-----G-----GG-----C-----A-----G-----TA-----C-----C-A-----T-CG-G-----5192		5538
B.CY.09.CY266	-G-----G-----GG-----C-----A-----G-----TA-----C-----A-G-----G-A-----G-----5192		5196
B.DE.04.HIV DE BID V4131	-G-----G-----GG-----C-----A-----G-----TA-----C-----A-G-----G-A-----G-----5192		5229
B.DK.07.PMVL_011	-G-----G-----GG-----S-----M-----R-----W-----C-----C-C-----C-G-----G-----5192		5356
B.DO.05.05DO_160884	-T-----A-----T-A-----CT-----A-----G-----GG-----C-----A-----G-----C-----C-----GT-----G-----5192		5447
B.E5.99.P2149_3	-T-----A-----T-A-----CT-----A-----G-----GG-----C-----A-----G-----C-----C-----GT-----G-----5192		5353
B.E8.08.DEMB08FR002	-T-----A-----T-A-----CT-----A-----G-----GG-----C-----A-----G-----C-----C-----GT-----G-----5192		5190
B.GE.07.07GE002004	-A-----TG-----A-----G-----A-----GG-----C-----M-----A-T-C-----R-----GC-----C-----T-----G-----5192		5198
B.HT.05.05HT_05389	-C-----T-----G-----C-----C-----GG-----C-----M-----A-T-C-----R-----GC-----C-----T-----G-----5192		5199
B.JM.05.05JM_KJ108	-C-----T-----G-----C-----C-----GG-----C-----M-----A-T-C-----R-----GC-----C-----A-----G-----5192		5998
B.JP.05.DRM6538	-G-----G-----GG-----C-----A-----AT-----C-----G-----C-----T-----C-----A-----G-----5192		5657
B.KR.07.07KY4	-G-----G-----GG-----C-----A-----AT-----C-----G-----T-----C-----T-----G-----A-A-----5192		5556
B.NL.00.671_00T36	-G-----G-----GG-----C-----A-----AT-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----G-----5192		5458
B.PE.07.502_2649_w08	-G-----G-----GG-----C-----A-----AT-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----G-----5192		5199
B.PY.03.P30PY_PSP0115	-C-----T-----A-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----TC-----G-----G-----5192		5562
B.RU.11.11RU21in	-C-----T-----A-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----TC-----G-----G-----5192		5343
B.TH.07.AA040a_WG11	-C-----T-----T-----T-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----GCG-----G-----T-----A-----5192		5211
B.TT.01.01TT_CRC50869	-T-----T-----T-----T-----G-----A-----C-----C-----A-----G-----Y-----G-C-----G-----G-----A-----5192		5097
B.TW.94.TWCYS_LM49	-G-----T-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----G-----A-----G-----5192		5217
B.UA.01.01UAKV167	-G-----T-----A-----T-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----G-----5192		5226
B.UV.11.05389	-G-----T-----A-----CT-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----5192		5193
B.UV.02.02UV_TSU1290	-G-----T-----A-----CT-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----T-----A-----G-----5192		5352
B.VE.10.DEMB10VE001	-G-----T-----A-----CT-----T-----G-----C-----C-----G-----C-----T-----G-----T-C-----G-----5192		5208
B.YE.02.02YE507	-G-----T-----A-----CT-----T-----G-----C-----C-----G-----C-----T-----G-----T-C-----G-----5192		5175
C.AR.01.ARG4006	-C-----A-----A-C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----A-----T-----C-----TC-----G-----G-----5192		5323
C.BR.07.DEMC07BR003	-C-----A-----A-C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----A-----T-----C-----TC-----G-----G-----5192		5344
C.BW.00.00BW07621	-C-----A-----A-C-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----A-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5178
C.CN.98.YNRL9840	-A-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5214
C.CY.09.CY260	-A-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5407
C.E5.07.X2118_2	-A-----C-----R-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5193
C.ET.02.02ET_288	-A-----C-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----C-----TC-----G-----G-----5192		5172
C.GE.03.03GEMZ033	-A-----CT-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----C-----T-----C-----TC-----G-----G-----5192		5325
C.IL.98.98IS002	-A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----T-----C-----TCAG-----A-----5192		6027
C.IN.03.D24	-A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----T-----C-----TCAG-----A-----5192		5172
C.KE.00.KER2010	-T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----T-----C-----TCAG-----A-----5192		5345
C.MM.99.mIDU101_3	-T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----5192		5178
C.MW.03.93MW_965	-C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----AC-----T-----T-----C-----GCAG-----G-----5192		5160
C.SO.30.90SE_364	-C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5160
C.SO.30.89SE_445	-C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5160
C.TZ.02.020178	-C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5166
C.US.98.98US_MSC3018	-C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----A-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5162
C.UY.01.TRA3011	-C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----CA-----T-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5166
C.YE.02.02YE511	-A-----T-----T-----T-----G-----C-----C-----AT-----A-T-----C-----GCC-----C-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----5192		5331
C.ZA.10.DEMC16ZA001	-A-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----C-----AT-----T-----C-----A-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----5192		5960
C.ZM.02.02ZM108	-A-----A-----C-----T-----C-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----T-----C-----TCAG-----G-----5192		5340
D.CD.03.ELI	-T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----TC-----A-----C-----C-----T-----AC-----G-----5192		5537
D.CM.10.DEMD10CM009	-T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----A-GT-----A-TCA-----G-----A-----GGCG-----C-----T-----AC-----G-----5192		5366
D.CY.06.CY163	-T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----A-GT-----A-TCA-----T-----G-----A-----TGC-----C-----G-----G-----5192		5199
D.KE.97.ML415_2	-T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----T-----AG-----G-----G-----5192		5457
D.KR.04.04KBH8	-T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----T-----GTC-----C-----T-----AC-----G-----5192		6008
D.SN.90.SE365	-T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----AA-----C-----G-----G-----5192		5192
D.TD.99.MN011	-C-----C-----A-----CT-----C-----C-----A-GT-----T-----G-TCA-----T-----T-----AC-----GC-----C-----G-----5192		6015
D.TZ.01.A280	-T-----C-----C-----A-----C-----C-----GG-----C-----A-----GC-----T-----C-----C-----AA-----C-----G-----G-----5192		5450
D.UG.08.D191859	-T-----C-----C-----A-----C-----C-----GG-----C-----A-----GC-----T-----C-----C-----AA-----C-----G-----G-----5192		5341
D.YE.02.02YE516	-T-----C-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----CC-----C-----A-----C-----T-----T-----G-----G-----5192		5184
D.ZA.00.R1	-T-----C-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----TC-----C-----G-----C-----G-----5192		5094
F1.AO.06.OA_06.ANG125	-AAT-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----GTC-----C-----T-C-----G-----G-----G-----5192		5285
F1.AR.02.ARE933	-T-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----G-----G-----5192		5331
F1.BE.97.1818	-A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----G-----G-----G-----5192		5184
F1.BI.07.07R844	-AT-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----G-----G-----G-----5192		5320
F1.CY.08.CY22	-A-----CT-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5193
F1.ES.11.DEMF110EFS001	-T-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5457
F1.FI.93.FIN9363	-T-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5595
F1.FR.96.96FR_MP411	-A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5450
F1.RO.96.BCI_R07	-A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5341
F1.RU.08.D88_845	-T-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5184
F2.CM.10.DEMF210CM007	-AAT-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5184
F2.CM.97.CM53657	-AATG-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5184
G.BE.96.DRCBL	-GG-----T-G-----A-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----CCGG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5948
G.CM.10.DEMG10CM008	-GG-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----CCGG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5372
G.CN.08.GX_2084_08	-GG-----T-G-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----CCGG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5234
G.CU.99.Cu74	-GG-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----CCGG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5595
G.ES.09.X2634_2	-GG-----C-----C-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----GT-----GG-----C-----T-C-----G-----G-----5192		5474
G.GH.03.03GH175G	TG-----C-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----T-----G-----GG-----C-----T-T-----G-----G-----5192		6031
G.KE.93.HH8793_12_1	-G-----C-----C-----A-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----TA-----GG-----T-----TT-----G-----G-----5192		5391
G.NG.09.09NG_SC62	-GG-----T-G-----A-----GA-----T-----G-----G-----A-----G-----GT-----AC-----C-----TC-----G-----AC-----G-----5192		5183

	Tat exon 1 start	Vpr end	Rev exon 1 start
B.FR.83.HXB2	GAAATGGGCCAGTACCTCTAG..ACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCTAAACTGCTTGACCAATTGCTATTGTAAGGTGTTCTATTGCAAGTTGTTCATACAAAAGCCTTAGGCATCTCATTGGCAGGAGAAGCGGAGACAG..	5992	
Vpr (framshifted)	R N G M E A S P V D P R## L E P W K H P G S Q P K T A C T N C Y C K K C C F H C Q V C F I T K A L G I T S Y G R K K R R O		
Tat exon 1	M A G R S G D S		
Rev exon 1	M A G R S G D S		
G.PT.8.1.PT306	-GG-----T-----A-----T-----T-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----GT-----GG-----T-----C-----T-----G-----A-----G-----	5931	
G.SE.93.SE6165 G6165	-GG-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----G-----A-----G-----C-----	5388	
H.BE.93.VI991	-G-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----G-----A-----C-----	5380	
H.CP.93.VI997	-G-----C-----A-----C-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----C-----	5335	
H.CP.90.056	-G-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----C-----	5338	
H.GB.00.00GBAC4001	-G-----C-----A-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----C-----	5509	
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-G-----T-----A-----CA-----T-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----	5185	
J.CM.94.04CMU11421	-G-----A-----CA-----T-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----	5497	
J.SE.93.SE9280.7887	-G-----A-----CA-----T-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----	5305	
J.SE.94.SE9173.7022	-G-----A-----CA-----T-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----	5306	
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-G-----A-----CA-----T-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----	5183	
K.CM.96.96CM.MPS35	-G-----T-----A-----CA-----C-----A-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----	5187	
01 AE_AF.07.569N	-G-----TG-----A-----C-----T-----G-----C-----AA-----G-----T-----C-----A-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----C-----	5194	
01 AE_CN.09.1103	-G-----G-----A-----C-----T-----G-----C-----AA-----G-----T-----C-----A-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----C-----	5225	
01 AE_HV.04.00001	-G-----A-----C-----T-----G-----C-----A-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----C-----	5353	
01 AE_LP.DR0492	-G-----G-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----C-----	5003	
01 AE TH.94.BKM	-G-----TG-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----GG-----T-----A-----A-----C-----TC-----G-----A-----R-----G-----G-----	5943	
01 AE TH.99.AA111a.WG11	-G-----TG-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----GG-----T-----A-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----	5412	
01 AE TH.99.MC240	-G-----A-----TG-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----AA-----A-----CG-----T-----A-----A-----GG-----T-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5536	
01 AE_VN.98.98VNND15	-G-----A-----G-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----AA-----A-----CG-----T-----A-----A-----GG-----T-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5246	
02 AG_CM.08.DE002028CM001	-G-----A-----G-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----GC-----G-----A-----T-----C-----T-----C-----T-----G-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5428	
02 AG_ES.06.P1261	-G-----TG-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----GC-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----G-----	5339	
02 AG_FK.91.D1263	-G-----G-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----GC-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----G-----	6015	
02 AG_GH.03.03GH181AG	-G-----T-----A-----CA-----A-----T-----C-----G-----C-----CC-----G-----A-----G-----T-----C-----A-----C-----GG-----T-----T-----G-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5986	
02 AG_NG.x.IBNG	-G-----T-----A-----CA-----A-----T-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----C-----G-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5515	
02 AG_SN.98.98SE.MP1211	-G-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5188	
02 AG_US.08.568_2696.FL01	-G-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5188	
02 AB_RU.97.KAL150_2	-G-----T-----TG-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----	5217	
04 cpx_CY.94.94CY032_3	-GG-----T-----A-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----A-----G-----T-----TC-----G-----G-----T-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5361	
05 DF_BE.x.VII310	-G-----T-----A-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----AA-----C-----G-----G-----T-----T-----G-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5373	
06 cpx_AU.96.BFP99	-G-----A-----A-----T-----T-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----TC-----A-----C-----G-----G-----T-----A-----	6019	
07 BC_CN.98.98CN009	-G-----A-----T-----T-----T-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----T-----CCC-----CGC-----A-----AC-----G-----T-----T-----A-----C-----TCAG-----A-----G-----A-----	5326	
08 BC_CN.06.nx2	-G-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----T-----CCC-----CGC-----A-----AC-----G-----T-----T-----A-----C-----TCAG-----A-----G-----A-----	5930	
09 cpx_GH.96.96GH2911	-G-----TG-----A-----C-----C-----C-----C-----GC-----A-----A-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----TCAG-----C-----T-----G-----A-----G-----	5196	
10 CD_TZ.96.96TZ.BF061	-G-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----GC-----A-----A-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----TCAG-----C-----TC-----A-----G-----	5370	
11 CP_CM.95.95CM.1816	-G-----A-----CA-----T-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----A-----G-----T-----C-----TC-----A-----G-----G-----T-----A-----	5355	
12 BF_AR.99.ARMA159	-G-----T-----A-----CT-----C-----C-----CA-----T-----C-----A-----T-----C-----G-----T-----C-----CG-----T-----CTGG-----C-----G-----G-----	5096	
13 CP_CM.96.96CM.1849	-G-----T-----A-----CT-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----G-----T-----C-----GG-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5396	
14 BG_ES.05.XI01	-G-----C-----G-----T-----A-----C-----T-----G-----C-----A-----T-----C-----G-----T-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----TC-----G-----A-----G-----	5458	
15 BG_TH.99.99TH.MU2079	-G-----C-----G-----T-----A-----C-----T-----G-----C-----A-----T-----C-----G-----T-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----TC-----G-----A-----G-----	5397	
15 A2D_KR.97.07KR004	-G-----C-----G-----T-----A-----C-----T-----G-----C-----A-----G-----T-----C-----TA-----G-----G-----T-----A-----C-----G-----C-----TC-----A-----C-----AC-----	5351	
17 BF_AR.99.ARMA038	-G-----AT-----A-----CT-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----TC-----A-----T-----AA-----	5205	
18 cpx_CU.99.CU76	-G-----A-----CA-----C-----C-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----C-----TC-----C-----TT-----AG-----G-----T-----	5296	
19 cpx_CU.99.CU7	-G-----C-----G-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----CA-----A-----T-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----C-----TC-----C-----AG-----G-----G-----	5217	
20 BG_CU.99.CU103	-G-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----GT-----GG-----T-----G-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5457	
21 A2D KE.99.KER2003	-G-----T-----A-----C-----C-----C-----GG-----A-----G-----TC-----G-----G-----A-----AT-----A-----AA-----T-----G-----G-----G-----T-----C-----TC-----A-----G-----	5196	
22 01A1.CM.01.01CM.0001BBY	-G-----T-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----G-----C-----G-----AT-----T-----T-----GT-----GG-----T-----G-----GG-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5199	
23 BG_CU.03.CB118	-G-----C-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----G-----C-----G-----AT-----T-----G-----T-----GG-----T-----G-----GG-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5434	
24 BG_ES.08.X2456_2	-G-----T-----G-----A-----C-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----GT-----GG-----T-----G-----GG-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5442	
25 cpx_CM.02.1918LE	-G-----C-----A-----CA-----T-----G-----A-----GG-----C-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----C-----G-----C-----T-----AG-----G-----G-----T-----A-----	5199	
26 AU_CD.02.02CD.MBTB047	-G-----G-----C-----G-----A-----CA-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----AC-----C-----T-----C-----G-----G-----	5096	
27 cpx_FR.04.04CD.FR_KZS	-G-----C-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----A-----G-----A-----C-----TC-----T-----AG-----G-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----	5982	
28 BF_BR.99.BREPM12699	-G-----C-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----A-----G-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----G-----	5357	
29 BF_BR.03.03BR0704	-G-----C-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----A-----G-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----G-----	2363	
30 BF_BR.04.04BR142	-G-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----CCA-----T-----C-----GA-----CA-----A-----T-----C-----G-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5626	
32 06A1_EE.01.EE0369	-G-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----TA-----G-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5292	
33 01B_ID.07.JKT189_C	-G-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----TA-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5193	
34 01B_TH.99.OUR2478P	-G-----G-----T-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----T-----G-----T-----GG-----C-----T-----C-----A-----G-----G-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5191	
35 AD_AF.07.169N	-G-----T-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----T-----G-----T-----GG-----C-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----	5197	
36 cpx_CM.00.00CMNYU830	-G-----T-----G-----A-----C-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----GG-----C-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----	5182	
37 cpx_CM.00.00CMNYU926	-G-----C-----G-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----G-----G-----	5414	
38 BF_FI.03.UY.03.UY03389	-G-----AAT-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----T-----A-----C-----CG-----C-----G-----T-----GG-----C-----T-----C-----G-----G-----G-----	5468	
39 BF_BR.04.04BRRJ179	-G-----T-----A-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----A-----T-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----G-----	5474	
40 BF_BR.05.05BRRJ055	-G-----T-----A-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----A-----T-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----G-----	5474	
42 BF_LU.03.LUBT.05.03	-G-----A-----A-----GT-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----	5529	
43 026_SA.03.03L223	-G-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----	5516	
44 BF_CL.03.GH0	-G-----T-----A-----C-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----AC-----T-----T-----CTGG-----C-----TC-----G-----G-----G-----	5077	
45 BF_BR.04.04FR.AUK	-G-----C-----G-----A-----C-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----	5433	
46 BF_BR.07.07BR.FFS625	-G-----C-----T-----A-----C-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----AC-----T-----T-----CTGG-----C-----TC-----G-----G-----G-----	5433	
47 BF_ES.08.P1942	-G-----C-----T-----A-----CT-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----	5433	
48 01B_MY.07.07MKT021	-G-----C-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----GG-----C-----C-----AC-----T-----A-----G-----G-----	5196	
49 cpx_GM.03.N26677	-G-----C-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----GGG-----C-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	5198	
51 01B_SG.11.11SG.HM021	-G-----C-----A-----T-----T-----G-----G-----GGG-----C-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----GG-----C-----A-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5305	
52 01B_MY.03.03MYKL018_1	-G-----C-----A-----T-----T-----G-----G-----R-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5328	
53 01B_MY.11.11FIR164	-G-----C-----A-----T-----T-----G-----G-----R-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5393	
54 01B_MY.09.09MYB023	-G-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----GG-----T-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	5301	
55 01B_CN.10.HNC102056	-G-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----GG-----T-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----G-----	6045	
0.BE.87.ANT70	-G-----T-----A-----G-----GG-----GCC-----T-----C-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----ATGGA-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----	6029	
0.CM.91.MVP5180	-G-----T-----A-----G-----GA-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CA-----CC-----CC-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----	5486	
0.CM.98.98CMCA104	-G-----T-----A-----G-----GA-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CC-----C-----AT-----C-----G-----C-----C-----A-----C-----T-----TC-----G-----G-----G-----	5566	
0.FR.92.VAU	-G-----T-----CA-----A-----G-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CC-----C-----A-----GC-----C-----C-----A-----C-----T-----TC-----G-----G-----G-----	6053	
0.SN.99.995E.MP1299	-G-----T-----CA-----A-----G-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CC-----C-----AT-----G-----C-----GCA-----C-----AC-----T-----T-----G-----G-----G-----	5966	
0.US.10.LTPN	-G-----T-----CA-----A-----G-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CC-----C-----AT-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----AG-----G-----G-----G-----	5451	
0.US.97.97US08692A	-G-----T-----CA-----A-----G-----GCC-----T-----C-----C-----T-----G-----CC-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----GC-----G-----G-----G-----	5451	
N.CM.02.DJ00131	-G-----T-----A-----G-----GA-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CA-----CC-----CC-----AT-----T-----C-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	5494	
N.CM.04.04CM.1015_04	-G-----T-----A-----G-----GA-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CA-----CC-----CC-----AT-----T-----C-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	5493	
N.U.06.U14842	-G-----T-----A-----G-----GA-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CA-----CC-----CC-----AT-----T-----C-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	5495	
N.CM.95.YBF39	-G-----A-----A-----G-----GA-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CA-----CC-----C-----AT-----T-----C-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	5582	
N.CM.95.YBF086	-G-----A-----A-----G-----GA-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CA-----CC-----C-----AT-----G-----A-----C-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	5580	
N.FR.11.N1.FR.2011	-G-----T-----A-----G-----GA-----GCC-----T-----C-----C-----G-----CA-----CC-----C-----AT-----G-----A-----GA-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	5389	
P.CM.06.U14788	-G-----C-----A-----G-----GA-----T-----GC-----A-----C-----A-----G-----G-----CTC-----GCC-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	5468	
P.FR.09.RBF168	-G-----C-----A-----GA-----C-----GC-----T-----A-----C-----G-----G-----CTC-----GCC-----A-----A-----C-----C-----GCC-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	6032	
CPZ_CD.06.BF1167	-G-----A-----GA-----T-----T-----TTA-----C-----A-----CTC-----ACA-----A-----GC-----GC-----C-----ATTG-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----	6087	
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	-G-----A-----A-----G-----GA-----CT-----A-----A-----G-----AA-----C-----AT-----G-----T-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----	5530	
CPZ_GA.88.GAB1	-G-----A-----A-----G-----GA-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----	6058	
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	CC-----T-----A-----T-----TA-----CA-----GG-----CC-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----T-----T-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----	5621	
CPZ_US.85.US_Marilyn	-G-----T-----A-----T-----TA-----A-----CA-----GG-----CC-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----AT-----C-----T-----G-----T-----G-----C-----G-----G-----	6066	

		Tat Rev exon 1 end	intron start	Vpu start (ACG in HXB2)	Vpu transmembrane domain start	
				AGTACATGTAA.GC.....	CAACCTATACCAATA.....	GTAC 6084
B.FR.83.HXB2		CGACGAAGAGCTCATAGAACAGTCAGACTCATCAAGCT.....	.TCTCTATCAAAGCA.GTA..AGT.....	AGTACATGTAA.GC.....	CAACCTATACCAATA.....	
Tat exon 1		R R R A H O N S Q T H Q A	S L S K Q	T.....	Q P I P I	V A
vpu		D E E L T R T V R L I K L	L Y Q S	ATAAGTA.....	ACT-T-GGA-C	TGGT- 5301
Rev exon 1		G-C-C-C-A-G-A-A-T-A-M.....	C-G-C	TTT.....	TC-T-GA-T	TAT- 5302
A1.AU.03.PS1044 Day0		G-A-C-A-G-A-A-G-A-A-A.....	C-A-C	ATTAGTAG.....	TCT-T-GTAT C	TGG- 5328
A1.CH.06.HIV CH BID V3538		G-A-C-A-G-A-A-G-A-A-A.....	C-G-C	ACTC.....	-A-G.....	TGT- 6092
A1.ES.06.X2110		G-A-C-A-G-A-A-G-A-A-A.....	C-A-C	ATCAGTAAT.....	T.....	TGG- 5290
A1.KE.06.06KECs 001		G-C-C-C-A-G-A-A-G-A-A.....	C-A-C	ACTA.....	-A-A.....	TAT- 5611
A1.RU.11.11RU6950		G-A-C-A-G-A-A-G-A-A-A.....	C-A-C	AATAATAAT.....	T-T-G.....	TGT- 6108
A1.RW.07.pR463F		G-A-C-A-G-G-A-A-G-A-A.....	C-A-C	ATTAGTAGT.....	G.....	TCTG-T-GA-CTCTGCCTTAAAATCTGT- 5307
A1.SE.95.SE8538		G-A-C-C-G-G-A-A-G-A-A.....	C-G-C	ATCAC.....	T-G.....	TGC- T-GAC-C
A1.TZ.01.A341		G-A-C-G-G-A-A-G-A-C-A.....	C-G-C	AGT.....	T-G.....	TGC- T-GAC-C
A1.UA.01.01UAADN139		A-C-G-C-C-G-A-A-G-A-A.....	A-A	ACTA.....	T-GA-C	TATA- 5286
A1.UG.07.0191845		GG-A-C-G-G-A-A-G-A-A-A.....	C-AC-C	AATAATAAT.....	T-A-A.....	TGIG-T-G-A1-C
A1.ZD.04.DEMB09K162B1		G-G-T-C-C-GA-G-A-G-A-A.....	C-A-C	AGT.....	AC-T-GGA-C	TGT- 5528
A2.CD.01.97CD1008		G-C-G-G-G-A-A-G-A-G-A-A.....	C-G-C	AGT.....	T-G.....	CG-T-G
A2.CM.01.01CM 1445MV		G-C-C-G-A-A-G-A-C-A-A.....	C-G-G	AGT.....	T-G	T-G-T
A2.CY.94.94CY017 41		AGC-T-C-G-A-A-G-A-C-A-A.....	C-A-C	AGT.....	T-T	T-G-T
B.AR.04.04AR143170		C-GG-G-G-G-C-G-C.....	G	R.....	T-AG	C- 5284
B.AR.04.051038 Day174		C-AG-G-G-G-G-R	T-C	A.....	T-CT-AN	T- 5297
B.BG.09.DEMB09B0001		C-C-AGG-C-G-G	TC	TA.....	T-C-A	T- 5452
B.BR.06.06BR1119		T-C-A-G-G-T-G-G	G	G.....	TG-G-T-A	AC- 5494
B.CA.07.502 1191 03		C-C-AG-G	C	T.....	G-T-G-C	T- 5513
B.CH.04.HIV CH BID V4408		C-C-AG-G	C	C.....	TTT-T-A	TC- 5309
B.CN.10.DEMB10CN002		T-C-C-AG-A-T-T-G	G	C-G-C	CG-T-A	TC- 5285
B.CO.01.PCM001		T-CAG-G-A-T-T-G	G	G.....	TT-T-T-AG	T- 5630
B.CU.99.Cu19		G-G	GA	AC-CT-GT	T-T-T	AC- 5318
B.CY.09.CY266		A-C-A-G-T-G	G	T.....	T-T-GA	T- 5448
B.DE.04.HIV DE BID V4131		G-T-C-C-A-G-G	ATC	A.....	T-C-TAC	A- 5294
B.DK.07.PMV1 011		C-C-C-A-G-G	T	A.....	CT-W-A-G	T- 5539
B.DO.05.05DO 160884		M-G-G-A-G-Y	T	G.....	G-T	T- 5445
B.E5.99.P2149 3		G-C-C-G-G	T	A.....	T-T	T- 5482
B.E8.08.DEMB08FR002		A-G-G-T-G	G	A-T	TTG-CT-AAT	T- 5390
B.GE.07.07GE002004		C-A-AG-G-A	A	G	YT-YAHR	A- 5291
B.HT.05.05HT 05389		R-TC-AR	AT	A	T-T-T-GAG	TC- 6093
B.JM.05.05JM KJ108		C-C-G-AGG-TC	AT	A	G-T-T-GA	GG-T 5749
B.JP.05.DR6538		G-C-C-AGG	T	AGT-A	T-CT-TGAC	5648
B.KR.07.07KY4		C-G-A-A-A-AC	T	A-T	A-T-A	5550
B.NL.00.671 00T36		A-C-G	TA	A	TA-T-GG	T-CT- 5291
B.PE.07.502 2649 w08		GC-C-AG-A	A	A-Y-C	C-A	C-A- 5654
B.PY.03.03PY PSP0115		C-AGG-TC	A	CT-GT	T- 5435
B.RU.11.11RU21n		T-C-A-A-G	A	AT-T-C-A-C-T	T- 5303
B.TH.07.AA040a WG11		C-AGG-G	A	T-CT-SW	6084
B.TT.01.01TT CRC50669		T-T-G	G	G-T-T-AT	C- 5319
B.TW.94.94.TWYS LM49		A-C	GA	A	T-CT-TAC	T- 6018
B.UA.01.01UAKV167		C-AG-G-C-A-A	TA	A	C-T-TAC	C- 5385
B.US.11.5539		C-AG-G	G	A	G-C-GA	TAT- 5444
B.US.02.02UY TSU1290		A-C-AG	GC	G	C-A-ACT	C- 5300
B.VE.07.DEMB10VE001		C-C-AGG	T	G	GAMMITAGATTATAGAT	G- 5275
B.YE.02.02YE507		C-C-AGG	G	GACAGACTAGATTATAGAT	G- 5437
C.AR.01.ARG4006		C-CT-G-G-G-G	AAC	A	AT-GAGT	G- 5458
C.BR.07.DEMC07BR003		C-CA-G-G-A-G-A	A	CTAA	AT-GAGT	T- 5270
C.BW.00.00BW07621		C-CAGG-G	A	ATC	ACTG-G-AT	TT-GAGT
C.CN.98.YNRL9840		C-G-G-G	AA	CTAA	AT-GA-AAGTAGATTATAAAA	G- 5511
C.CY.09.CY266		C-C-GA-G-AGA	A	ATA	TTAGT-TA	TTAGT
C.E5.07.TX118 2		C-C-CA-G-G-G	AA	TCAA	TT-GACT	T- 5285
C.ET.02.02ET 288		C-C-C-G-G-G	AA	CCAC	TT-GACT	T- 5448
C.GE.03.03GEMZ033		C-C-CA-G-G-G	AA	AT	TTAGT-TA	T- 5285
C.IL.98.98Z01002		C-C-CA-G-G-G	AA	CCAC	TT-GACT	T- 6119
C.IN.03.D24		C-C-G-G-G	GAA	AT	TT-GA-T	T- 5437
C.KE.00.KER2010		C-C-C-G-T-G-G	AA	AT	TT-GA-T	T- 5292
C.MM.99.mIDU101 3		C-C-G-G-G	AA	AT	TT-GA-T	T- 5292
C.MW.93.93MW 965		C-C-CA-G-G-G	AA	CTCA	TT-GA-T	T- 5294
C.SD.30.93SE 364		C-C-CA-G-G-G	AA	CCAA	TT-GA-T	T- 5294
C.SO.01.01SO 0045		C-C-CA-G-G-G	AA	AT	TT-GA-T	T- 5294
C.TZ.02.020178		C-C-CA-G-G-G	AA	AT	TT-GA-T	T- 5294
C.US.08.98US MSC3018		C-C-CA-G-G-G	AA	AT	TT-GA-T	T- 5294
C.US.01.TRA3011		C-C-CA-G-G-G	AA	AT	TT-GA-T	T- 5294
C.YE.02.02YE511		C-C-CA-G-G-G	AA	ACA	TT-GA-T	T- 5294
C.ZA.10.DEMC16ZA001		T-C-CA-G-G-G	AA	ACCAAGT	TT-GA-T	T- 5446
C.ZM.02.02ZM108		C-C-CA-G-ACA-G	G-A	ACTAAT	TTAA	T- 6073
D.CD.83.ELI		G-C-C-AGG-G	G	G	T-GGG	A- 5629
D.CM.10.DEMD10CM009		A-C-C-A-G-A-A-C-A	T	G	T-GT	A-TT- 5458
D.CY.06.CY163		C-C-CA-GG-G	G	A	T-T-GAG	T- 5291
D.KE.97.ML415 2		C-C-CA-GG-G	G	AT	TC-G	T- 5550
D.KR.04.04KBH8		C-C-CA-GG-G	G	AC-T	G-GT	T- 6039
D.SN.90.SE365		C-C-CA-GG-G	G	A	GT-T	T- 6100
D.TD.99.MN011		G-C-T-C-AG-A-A	TG	G-G-C-G-A	GT-GA	T- 5307
D.TZ.01.A280		A-C-C-GG-GA	A	C-A-C	AC-T	AC- 5284
D.UG.08.0191859		A-C-AGG-G-G	A	CA-A	T-GAG	T- 6098
D.YE.02.02YE516		A-C-A-G-G	G	C-A-C	A-C-T	T- 5244
D.ZA.90.R1		A-C-C-G-GA-GA	T	C-A-C	T-GT	T- 5432
F1.AO.06.AO 06 ANG125		C-C-G-C-G-G	G	G	T-GGG	A- 5181
F1.AR.02.ARE933		CT-G-C-G	A	T-GT	A- 5387
F1.BE.97.1838		C-C-A-C	A	T-G	A- 5453
F1.BY.07.07R844		AC-A-C-A	AC-T	GT-GT	A-AG 544
F1.CY.08.CY22		AC-A-C-G	AT	CTGA	T- 5283
F1.ES.11.DEMF110E5001		C-C-C-A-G	ATGT	AC-AA-T-GT	A-A 5428
F1.FI.93.FIN9363		AC-A-C-A-G	ATGT	TC-GA-T-GT	A-A 5422
F1.FR.96.96FR MP411		A-C-A-C-G	ATTAT	TCCA-C-GTATG	T-T 5290
F1.RO.96.BCI R07		AC-A-C-A-G	ATTGTTAAAG	TC-TACT-GTT-	A- 6117
F1.RU.08.D88 845		CG-A-Y-C-A-G	ATTGTTAAAG	TC-G	A- 5552
F2.CM.10.DEMF210CM007		T-C-A-G-G	ATTGTTAAAG	AC-GAA-	T- 5432
F2.CM.97.CM53657		TC-A-G-G	AGC	TC-T-TCTAT-	A- 5276
G.BE.96.DRCBL		G-A-C-G	AGAAATAAA	TC-G	TCT- 6050
G.CM.10.DEMG10CM008		G-C-T-C-GG-G	AATAATAAT	CT-G	CT- 5474
G.CN.08.GX 2084 08		A-C-TCA-G-A-A-GA	ACTAAT	GG-AT-GTC	A- 5329
G.CU.99.Cu74		G-A-C-G	ACTGACAAAT	G-AT-GA	TCT- 5697
G.ES.09.X2634 2		A-C-C-G-G	AGTAAATAAT	AT-GA	TCT- 5576
G.GH.03.03GH175G		G-A-C-G-A-A-GA	AGTAAATAAT	T-CT-TGA	TCT- 6133
G.KE.93.HH8793 12 1		A-C-C-G-G	AGTAAATAAT	T-AT-GA	TCT- 5493
G.NG.09.09NG SC62		A-C-TCAGG	AGCTATAAT	T-AT-GA	C- 5284

		Vpu transmembrane domain end			
B.FR.83.HXB2	Vpu	AATA.....GTAGCATTAA.....GTAGTAGCAATAATAATAGCAATAGTTGGTGGTCATA.....	.GTAATCTAGAATATAGGAAAAATTAAAGA.....	CAAAGAAAATAGACAGGTTAATTGATAGACTAA	6200
A1.AU.03.PS1044	Day0	I.....V A LV V A I I I A I V V W S I	V I I E Y R K I L R	Q R K I D R L I D R L	G-A- 5417
A1.CH.03.HIV CH BID_V3538		-G-C-G.....A-T-GC-C.....C-A.....A-T.....	GCA.....A-T-GC-C.....AG.....	-G.....C-A.....G-A- 5418	
A1.ES.06.X2116		-G-C-G.....A-G-C-C-C.....A-A.....A-T.....	GCG.....G-G-C-G-C.....AG.....	C-A.....A-G- 5444	
A1.IT.02.600000		-A-C-G.....A-T-GGT-C.....A-A.....A-T.....	GCT.....G-T-GC-C.....AG.....	G-A- 5208	
A1.KE.06.06KEst_001		-C-G.....A-T-G-C.....A-A.....A-T.....	GGT.....A-T-G-T-GC-C.....A.....	AA- 5227	
A1.RU.11.11RUE950		-G-G.....A-G-G-C-C.....A-G.....A-T.....	GGA.....A-T-G-T-GC-C.....AG.....	G-A- 5224	
A1.RW.07.prR463F		-G-C-G.....A-G-G-C-C.....A-G.....A-T.....	GCT.....G-G-A-G-C-GCA.....AG.....	G-A- 5404	
A1.SE.95.S8538		-G-C-G.....A-G-C-C-C.....A-G.....A-T.....	GGT.....AA-T-G-T-GC-C.....A.....	G-A- 5423	
A1.TZ.01.A341		-G-C.....A-G-C-C-C.....A-C.....A-T.....	GCT.....T-GCG-A.....A.....	G-A- 5402	
A1.UA.01.01UADN139		-.....T-GTCCTG-CT.....T.....A-TGC.....	GCT.....G-GC-A.....A.....	G-A- 6248	
A1.UG.07.p191845		-C-G-G.....G-C-C.....C-A.....A-T.....	GCT.....T-G-C.....G.....	T-A- 5644	
A1.ZA.04.04ZASK162B1		-C-G-C-G.....A-G-C-C.....A-A.....A-T.....	GT.....A-G-TAAG-AG.....	T-C- 5549	
A2.CD.04.97DK1848		-G-C-G.....A-T-C-CT.....A-A.....A-T.....	T-C.....AA-G-C-TAGG-AG.....	CA-A- 5408	
A2.CM.01.01CM.1445MV		-G-C-G.....A-T-T-CT.....A-A.....A-T.....	T.....AA-TAAAG-AG.....	CA-A- 5566	
A2.CY.94.94CY017_41		-.....A-T-GC.....A-A.....A.....	GC-T.....G-A.....A.....	A- 5400	
B.AR.04.04AR143170		-G.....A-GG-C.....A-A.....A.....	GS.....A.....	A- 5413	
B.AU.04.PS10381 Day174		-.....TG.....A.....	AT.....A.....	A-G- 5568	
B.BE.06.DEMB0000B0001		-T-GG.....A.....	GC-T.....A-G-T.....	A-T-A-C- 5629	
B.CA.07.502_1191_03		-C-G.....A-T-GC-C.....A-T.....A.....	GG.....A.....	A-T-A-C- 5425	
B.CH.04.HIV CH BID_V4408		-.....A-G.....A.....	GTAT.....C.....A.....	A- 5570	
B.CN.10.DEMB10CN002		-T.....A-GC.....A.....	GG-T.....AT.....GG.....	A-A-G- 5401	
B.CO.01.PCM001		-.....A-GC.....A.....	T-A.....A-G.....A.....	T-A- 5746	
B.CU.99.Cu19		-A.....T-GC.....A.....	C-T.....A-G.....A.....	AG- 5404	
B.CY.69.CY266		-.....A-GG.....A.....	TA.....C.....A.....	G-GA- 5434	
B.DE.04.HIV DE BID_V4131		-T.....GC-C.....A-A-A.....	T.....C.....A.....	G-A- 5564	
B.DK.07.PMVL_011		-GC.....A-A.....A.....	T.....C.....A.....	A- 5410	
B.DO.05.05DO_160884		-.....T-GGC.....G-A.....A.....	T.....C.....A.....	A-A- 5655	
B.ES.09.P2149_3		-C.....T-TGGC.....G-A.....A.....	T.....C-AT.....G-A.....	A-A-C- 5561	
B.FR.08.DEMB08FR002		-G-C.....A-GC-C.....A-A.....A.....	GO.....A.....	A-A- 5388	
B.GE.03.03GEM2004		-G-C.....A-GC-C.....A-A.....A.....	GTA.....R-AAR.....	A-G- 5400	
B.IB.05.05IB_129389		-.....GY-M-R-A-W-A-A.....	T-A.....C.....A.....	A- 5307	
B.JM.01.JM.KJ108		-T-C.....A.....	T.....C.....A.....	6209	
B.JP.05.DR6538		-GC.....A.....	T.....C.....A.....	A- 5865	
B.KR.07.07KYV4		-GC.....A.....	GT.....G.....	A- 5764	
B.NL.00.671_00T36		-GC.....A.....	GC-T.....G.....	G-G- 5666	
B.PE.07.502_2649_w08		-A-GGG-T-A.....	T.....G-C.....	A-G-AC- 5407	
B.PY.03.03Py_PSP0115		-T-GC.....A.....	T.....G.....A-AC-C- 5770		
B.RU.11.11RU21n		-T-GGG.....A.....	T.....G-AT.....A.....	A-AC- 5551	
B.TH.07.AA040a.WG11		-C.....G.....A.....	GC.....A.....	A-RAA- 5419	
B.TT.01.01TT_CRC50669		-AC.....A-YRGY-M-A-A.....	C-T.....A.....	6200	
B.TW.94.TWCYSLM49		-.....GC.....A.....	GT-A.....A.....	A- 5437	
B.UA.01.01UAKV167		-GTAGCATTGATAA.....G-A.....	CC.....C-A.....	CA- 6134	
B.US.03.ES38		-.....T-GC-G.....A-A-A-T.....	CC.....C-A.....	A-G 5411	
B.UY.02.02UY_TSU1290		-T-GG.....A.....	TC-T.....G.....	G-G- 5560	
B.VE.10.DEMB10VE001		-T-G.....A.....	GG-T.....G.....	A-G-A- 5416	
B.YE.02.02YE507		-.....A-G.....A.....	CTTAT.....T-GG.....	A-G- 5391	
C.AR.01.ARG4086		-G.....G-A-C-C-C-A-A.....A.....	CTTAT.....T-GG.....	A-G-C- 5553	
C.AR.07.DEM07BR003		-G.....G-A-C-C-C-A-A.....A.....	C-T.....G.....	A-G-A-T- 5344	
C.BW.00.00W006261		-G-C.....A-A-A-C-C-C-A.....A.....	TAT.....G-T-GG.....	A-A-T-T- 5386	
C.CN.08.YNRL9840		-G.....G-A-C-C-C-A-A.....A.....	TATT.....G.....	A-A-T-T- 5444	
C.CY.89.99CY260		-T-A-A-T-G-C-C-A-A-A.....	RC-TAT.....G.....	C-G-Y- 5627	
C.ES.67.X2118_2		-TC-CC-A-A-A-A.....	C-TAT.....A-T-G.....	A-T- 5423	
C.ET.02.02ET_288		-C-G-CC-A-A-A.....	C-TAT.....A-T-G.....	G-A-G-T- 5401	
C.GE.03.03GEM2033		-G.....G-A-C-C-CT-A-A-C-A.....	TAT.....A-T-G.....	A-A-T-T- 5564	
C.IL.98.98IS002		-A-G-A-T-G-C-C-A-A.....A.....	TAT.....T-G.....	A-T- 6235	
C.IN.03.D24		-G.....T-A-T-CC-A-A.....A.....	TAT.....T-G.....	A-A-T-T- 5392	
C.KE.03.KER2010		-G.....A-C-C-C-A-A.....A.....	TAT.....T-G.....	T-G-A-A-T- 5553	
C.MM.99.mIDU101_3		-G.....G-A-C-C-C-A-A.....A.....	TAT.....T-G.....	T-G-A-A-T- 5408	
C.MW.93.93MW_965		-G.....G-A-C-C-C-A-A.....A.....	C-TAT.....T-G.....	G-A-G-A-T- 5390	
C.SN.90.90SE_364		-G.....G-A-C-C-C-A-A.....A.....	TAT.....T-G.....	T-G-A-A-T- 5432	
C.SO.89.89SM_145		-G.....T-AGT-C-A-A-A.....	C-TAT.....T-G.....	G-A-A-A-T- 5386	
C.TZ.92.507		-G.....A-C-C-CT-A-A-C-A.....	TAT.....T-G.....	C-A-A-A-A-T- 5386	
C.UV.00.98UC_MSC2018		-G.....A-C-TCC-A-A-A.....	TAT.....T-G.....	G-C-A-A-A-A-T- 5397	
C.UV.01.TRA3011		-G.....A-TC-C-C-T-A-A.....	TTAT.....A-T-GG.....	G-C-A-A-T- 5392	
C.YE.02.02YE511		-G.....A-C-C-C-A-A-A.....	C-TAT.....T-GGG-T.....	A-A-A-GA-T- 5562	
C.ZA.10.DEMC10ZA001		-C-T-AC-A-T-CC-A-A.....	C-TAT.....G.....	T-G-A-A-T- 6189	
C.ZM.02.02ZM108		-C-T-A-A-A-CT-A-A-A.....	CCTAT.....A-T-GG.....	A-A-T-G- 5410	
D.CD.83.ELI		-C.....C.....A.....	T.....A-GG-AA-AG.....	T-T-C-A-A- 5745	
D.CM.10.DEMD10CM009		-.....A-GC.....A-A.....A.....	TAT.....CAG.....	C-C-A-G 5574	
D.CY.06.CY163		-C.....A-GC.....A-A.....A.....	TAT.....AA-G.....	T-C-C-A-G 5407	
D.KE.97.ML415_2		-.....A-GC.....A-A.....A.....	G-GG-TA-G-T-AA-AG.....	G-A-A- 5666	
D.KR.04.04KBH8		-K-A-G-C-C-C-A-A.....A.....	TT.....G-GCT-T-G-T-AG-AG.....	A-T-A- 6155	
D.SN.90.SE365		-C-A-T-G-C-C-C-A-A.....A.....	T.....GT-AG-AG-G.....	C-C-A- 6216	
D.TD.99.MN011		-C.....C-G-C-C-C-A-A.....A.....	TA.....A-A-AAG-G.....	A-T-A-T- 5423	
D.TZ.01.A280		-C.....A-TTC-C-C-G-A-T.....	TA.....G-G-AG-A.....	AG-T- 5400	
D.UG.08.p191859		-.....A-GC.....A-A.....A.....	T.....G-G-A-G-C-TAGG-G.....	A-G- 6214	
D.YE.02.02YE516		-A-GGC-A-A-A.....	TA.....A-GG-G.....	CA-C- 5410	
D.ZA.90.R1		-T-T-T-A.....	T.....G-A-G-AG.....	TAT-A- 5548	
F1.AO.06.AO_06.ANG125		-A-T-G-C.....A-A.....A.....	C-TAT.....G-GG-AG.....	A-T-TA-A-A- 5296	
F1.AR.02.ARE933		-AC-A-C-C-C-A-A.....A.....	C-TAT.....AA-C-GG-G.....	G-G-A-T-A- 5503	
F1.BE.93.VI850		-C.....A-C-C-C-A-A.....A.....	TAT.....A-G-GG-G.....	A-T-AA-TA-A-A- 5549	
F1.BR.07.07BR844		-C.....A-C-C-C-A-A.....A.....	C-TAT.....G-GG-G.....	A-T-A-TA-A-A- 5590	
F1.CS.08.08CS001		-C.....A-T-C-C-G-A.....A.....	TAT.....A-G-GA-G.....G.....	A-T-TA-A-A-A- 5599	
F1.FS.01.DEMF110E5001		-G.....A-T-T-C-C-G-T-A.....	TAT.....A-G-GG-G.....G.....	A-T-A-TA-A-A- 5544	
F1.FI.93.FIN9363		-T-A-A-T-C-C-T-A.....	T.....A-GC-G-G-G.....G.....	TATC-GTA-ATA- 5538	
F1.FR.96.96FR_MP411		-T-A-A-T-C-C-T-A.....	T.....A-T-G-G-G.....G.....	A-T-GTA-ATA- 5406	
F1.RO.96.BCI_R07		-.....A-C-A.....A-A.....A.....	C-TAT.....T-GG-G.....G.....	A-T-GTA-A- 6233	
F1.RU.08.D88_845		-G-A-T-G-C-G-G-A.....A.....	T.....A-T-G-A.....A-A- 5668		
F2.CM.10.DEMF210CM007		-C-T-A-T-C-A-T-C-A.....	G-T.....A-C-G-G-G.....G.....	A-G-A-T-A-T-A- 5548	
F2.CM.97.CM53657		-AT-A-A-T-C-C-A-A.....A.....	GTAT.....A-C-G-G-G.....G.....	A-T-A-T-A-A-T-A- 5392	
G.BE.96.DRCBL		-G-C-A-T-C-C-G-C-A.....A.....	T-T.....A-GG-A.....	G-A-C- 6166	
G.CM.10.DEMG10CM008		-G-C-A-T-T-T-G-C-C-AC-A.....A.....	T-T.....C-G-A.....	G-AC-T-A-C- 5590	
G.CN.08.GX_2084_08		-G-C-A-T-T-T-G-C-C-AC-A.....A.....	TAT.....A-G.....	G-A-G-T-A-C- 5445	
G.CU.99.Cu74		-G-C-A-A-GGC-G-C-C-A.....A.....	TT.....C-AG.....	G-A-T-T-A-C-A-A- 5813	
G.ES.09.X2634_2		-G-C-A-A-GGC-G-C-C-A.....A.....	TT.....T-C-T-A-G-G-A.....	GCAG-G-C-A-C-A-A- 5692	
G.GH.03.03GH175G		-GGC-A-A-GC-G-C-C-A.....A.....	T.....G-G-A.....	G-A-G-A-A-AA- 6249	
G.KE.93.HH8793_12_1		-G-C-A-A-GC-G-C-C-A.....A.....	C-TG-C-C-G-A.....A.....	G-G-G-A-G-A-A-A- 5609	
G.NG.09.09NG_SC62		-G-C-A-A-GC-G-C-C-A.....A.....	T-T.....AG-A.....	G-A-G-T-T-C-A-A- 5400	

		Vpu transmembrane domain end			
B.FR.83.HXB2	Vpu	GATACTAGAATATAGGAAAAATTAAAGA.....	CAAAGAAAATAGACAGGTTAATTGATAGACTAA	6200	
G.PT.8.X.PT3306		I.....V.....A.....I.....I.....A.....I.....V.....V.....W.....S.....I.....	Q.....R.....K.....I.....D.....R.....L.....I.....D.....R.....L.....	6149	
G.SE.93.SE6165_G6165		C.....G.....C.....A.....C.....G.....C.....T.....A.....A.....	-G.....A.....G.....-A.....AAA.....C.....-GA.....	5606	
H.BE.93.VI991		G.....C.....G.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....A.....	-G.....G.....A.....G.....-A.....A.....A.....C.....	5581	
H.BE.93.VI997		G.....C.....G.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....A.....	-G.....G.....A.....G.....-A.....A.....A.....C.....	5571	
H.CF.90.056		G.....C.....G.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....A.....	-G.....G.....A.....G.....-A.....A.....A.....C.....	5714	
H.GB.00.000GBAC4001		G.....C.....G.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....A.....	-G.....G.....A.....G.....-A.....A.....A.....C.....	5523	
J.CD.97.J.97DC.KTB147		G.....C.....G.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....A.....	-G.....G.....A.....G.....-A.....A.....A.....C.....	5398	
J.CM.94.04CMU1422		G.....C.....G.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....A.....	-G.....G.....A.....G.....-A.....A.....A.....C.....	5402	
J.SE.93.SE9288_7887		G.....C.....G.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....A.....	-G.....G.....A.....G.....-A.....A.....A.....C.....	5398	
J.SE.94.SE9173_7022		G.....C.....G.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....A.....	-G.....G.....A.....G.....-A.....A.....A.....C.....	5323	
K.CD.97.97ZR.EQTB11		A.....C.....G.....C.....C.....C.....A.....A.....	-A.....G.....A.....T.....T.....A.....A.....	5398	
K.CM.96.96CM.MP535		A.....C.....G.....C.....C.....C.....A.....A.....	-A.....G.....A.....T.....T.....A.....A.....	5402	
01.AE.AF.07.569N		G.....G.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....C.....	-G.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	5406	
01.AE.CN.09.1119		G.....G.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....C.....	-G.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	5437	
01.AE.HK.04.HK001		G.....G.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....C.....	-T.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....	5573	
01.AE.JP.x.DR6492		G.....G.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....C.....	-A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....	6214	
01.AE.TH.04.TH04		G.....G.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....C.....	-G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....	6164	
01.AE.TH.09.AA111a.WG11		G.....G.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....C.....	-G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....	5624	
01.AE.VN.98.98VNND15		G.....G.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....C.....	-G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....	5771	
02.AG.CM.08.DE00208CM001		G.....G.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....C.....	-G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....	5458	
02.AG.ES.06.P1261		GTC.....T.....T.....GC.....C.....C.....A.....A.....	-T.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	5647	
02.AG.FR.91.D1263		G.....C.....T.....C.....GC.....C.....C.....A.....A.....	-G.....AG.....A.....-A.....C.....A.....A.....A.....	5557	
02.AG.GH.03.03GH181AG		G.....C.....T.....C.....GC.....C.....C.....A.....A.....	-G.....AG.....A.....-A.....C.....A.....A.....A.....	6232	
02.AG.LR.x.POC44951		G.....C.....T.....C.....GC.....C.....C.....A.....A.....	-G.....AG.....A.....-A.....C.....A.....A.....A.....	6204	
02.AG.NG.x.IBN		G.....C.....T.....C.....GC.....C.....C.....A.....A.....	-G.....AG.....A.....-A.....C.....A.....A.....A.....	5733	
02.AG.SN.98.98SE.MP1211		G.....C.....T.....C.....GC.....AAC.....A.....A.....	-G.....AG.....A.....-A.....C.....A.....A.....A.....	5411	
02.AG.US.06.502.2696.FL01		G.....C.....T.....C.....GC.....AAC.....A.....A.....	-G.....AG.....A.....-A.....C.....A.....A.....A.....	5406	
02.AG.UZ.02.02020683		G.....C.....T.....C.....GC.....AAC.....A.....A.....	-G.....AG.....A.....-A.....C.....A.....A.....A.....	5329	
03.AR.RU.97.9753_2		T.....GG.....G.....C.....T.....T.....A.....A.....	-G.....G.....A.....-C.....GTACA.....A.....A.....	5425	
04.DP.CX.94.0406302_3		G.....C.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....	-T.....A.....G.....A.....-T.....TA.....A.....A.....	5573	
05.DP.BE.VII310		G.....C.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....	-T.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	5591	
06.Cpx.AU.96.BFP90		G.....C.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....	-G.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	6239	
07.BC.CN.98.98BCN09		G.....C.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....	-G.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	5534	
08.BC.CN.06.nx2		G.....C.....G.....A.....A.....G.....C.....C.....T.....	-G.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	6133	
09.cpx.GH.96.96GH2911		G.....G.....A.....A.....T.....C.....GC.....C.....A.....	-T.....T.....GT.....G.....A.....G.....A.....-T.....	5414	
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061		G.....G.....A.....A.....T.....C.....GC.....C.....A.....	-T.....T.....GT.....G.....A.....G.....A.....-T.....	5600	
11.cpx.CM.95.95CM.1816		G.....G.....A.....A.....T.....C.....T.....T.....G.....	-GGG.....A.....GT.....C.....-G.....A.....-A.....	5572	
12.BF.AR.99.ARMA159		G.....G.....A.....A.....T.....C.....T.....T.....G.....	-G.....G.....A.....-C.....GTACA.....A.....A.....	6204	
13.cpx.CM.96.96CM.1849		G.....G.....A.....A.....T.....C.....T.....T.....G.....	-G.....G.....A.....-C.....GTACA.....A.....A.....	5613	
14.BG.ES.05.X1870		G.....G.....A.....A.....T.....C.....T.....T.....G.....	-G.....G.....A.....-C.....GTACA.....A.....A.....	5676	
15.01B.TH.99.99TH.MU2079		G.....G.....A.....A.....T.....C.....T.....T.....G.....	-G.....G.....A.....-C.....GTACA.....A.....A.....	5599	
16.AD.KR.99.97KR004		GTC.....A.....A.....T.....C.....T.....G.....A.....	-G.....A.....T.....AAAG.....AG.....-A.....A.....	5569	
17.BF.AR.99.AR0038		G.....C.....A.....A.....T.....C.....T.....G.....A.....	-G.....A.....T.....AAAG.....AG.....-A.....A.....	5113	
18.cpx.CU.99.CU70		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	5502	
19.cpx.CU.99.CU70		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GGG.....A.....GT.....C.....-G.....A.....-A.....	5425	
20.BG.CU.99.CU103		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	5676	
21.A2D.KE.99.KER2003		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	5404	
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-G.....A.....T.....AAAG.....AG.....-A.....A.....	5652	
23.BG.CU.03.CB118		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	5660	
24.BG.ES.08.X2456_2		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	5417	
25.cpx.CM.02.1918LE		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	6203	
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GT.....AG.....A.....-G.....C.....-AG.....-A.....	6199	
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	5565	
28.BF.BR.99.BREPM12699		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GT.....T.....A.....-A.....A.....A.....A.....A.....	5692	
29.BF.BR.01.BREPM16704		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	5692	
31.BC.CE.01.CE01		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....T.....A.....-A.....A.....A.....	5344	
32.01B.ID.97.JKT189_C		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-G.....G.....CA.....-G.....G.....A.....-A.....	5405	
34.01B.TH.99.OUR2478P		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-G.....G.....AT.....G.....G.....G.....G.....-A.....	5409	
35.AD.AF.07.169N		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-C.....T.....AA.....A.....G.....G.....-A.....A.....	5418	
36.cpx.CM.00.00CMNYU830		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-C.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	5400	
37.cpx.CM.00.00CMNYU926		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....TG.....G.....-G.....G.....-A.....A.....	5632	
38.BF1.UY.03.UY03.3389		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-C.....TAC.....T.....T.....TG.....G.....-G.....A.....	5686	
39.BF.BR.04.04BRRJ179		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-C.....TAC.....T.....T.....TG.....G.....-G.....A.....	5737	
40.BF.BR.05.05BRRJ055		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-C.....TAC.....T.....T.....TG.....G.....-G.....A.....	5734	
42.BF.LU.03.LuBf.05.03		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	5651	
43.0265.SA.03.J11223		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-T.....A.....G.....A.....-A.....A.....A.....A.....	6102	
44.BF.CL.00.CH80		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-C.....TATT.....AA.....G.....G.....G.....-A.....A.....	5639	
45.cpx.FR.04.04FR.AUK		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-C.....TATT.....AA.....G.....G.....G.....-A.....A.....	5441	
46.BF.BR.07.07.PBS625		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GTC.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	5628	
48.01B.MY.07.07MYKT021		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GTC.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	5406	
49.cpx.GM.03.N26677		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GTC.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	5406	
51.01B.SG.11.11SG.HM021		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GTC.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	5517	
52.01B.MY.03.03MYKL018_1		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GTC.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	5540	
53.01B.MY.11.11FIR164		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GTC.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	5605	
54.01B.MY.09.09MYSB023		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GTC.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	5513	
55.01B.CN.10.NHCS102056		T.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....G.....	-GTC.....T.....A.....-A.....G.....A.....-A.....A.....	6259	
0.BE.87.ANT70		A.....ATT.....A.....AGT.....CTT.....GC.....GT.....T.....	-A.....ATT.....A.....AGT.....CTT.....GC.....GT.....T.....	6246	
0.CM.91.MVP5180		A.....T.....A.....T.....AGT.....CTT.....GTGTC.....T.....	-A.....T.....A.....T.....AGT.....CTT.....GTGTC.....T.....	5700	
0.CM.98.98CMIA04		A.....T.....A.....T.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	-A.....T.....A.....T.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	5783	
0.FR.92.VAU		A.....T.....A.....T.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	-A.....T.....A.....T.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	6270	
0.SN.99.99SE.MP1299		A.....A.....T.....ACT.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	-A.....A.....T.....ACT.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	6174	
0.US.10.LTNP		A.....A.....T.....ACT.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	-A.....A.....T.....ACT.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	6174	
0.US.09.97US08692A		A.....A.....T.....ACT.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	-A.....A.....T.....ACT.....AGT.....CTT.....GC.....T.....	5668	
N.CM.02.DJ00131		T.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....	-C.....TAT.....A.....-C.....AA.....TTG.....-G.....A.....	5696	
N.CM.04.04CM.1015_04		T.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....	-C.....TAT.....A.....-C.....AA.....CTG.....-G.....A.....	5695	
N.CM.06.U14842		T.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....	-C.....TAT.....A.....-C.....AA.....CTG.....-G.....A.....	5697	
N.CM.95.YBF30		T.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....	-C.....TAT.....A.....-C.....AA.....CTG.....-G.....A.....	5784	
N.CM.97.YBF106		T.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....	-C.....TAT.....A.....-C.....AA.....CTG.....-G.....A.....	5781	
N.FR.11.NI.FR.2011		GT.....C.....A.....A.....G.....G.....T.....	-T.....TAT.....G.....-A.....AA.....GTG.....-G.....A.....	5590	
P.CM.06.U14788		A.....A.....T.....ACT.....GG.....T.....T.....G.....	-CC.....YC.....TT.....GTGTC.....GA.....-A.....G.....A.....	5686	
P.FR.09.RFB168		A.....A.....T.....ACT.....GG.....T.....T.....G.....	-CC.....GC.....TTTGTGCTA.....GAGAG.....-A.....G.....A.....	6250	
CPZ.CD.06.BF1167		GGG.....A.....G.....T.....ACT.....GG.....T.....T.....	-GGG.....A.....G.....T.....ACT.....GG.....T.....T.....	5736	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145		A.....A.....T.....G.....C.....T.....C.....GC.....T.....	-C.....TATT.....G.....-A.....AA.....GT.....-A.....A.....	5736	
CPZ.CM.98.GAB1		GCTT.....A.....C.....A.....T.....G.....C.....T.....	-C.....TATT.....G.....-A.....AA.....GT.....-A.....A.....	5736	
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13		TCTC.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....	-G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....A.....	5627	
CPZ.US.85.US.Marilyn		A.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....	-G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....A.....	5850	

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

		Env start	Vpu end	Env signal peptide end	Env gp120 start
B.FR.83.XHB2	Vpu	TAGAAAGGACAGAAGACAGTGGCA	ATGAGACTGAAGGAGAAATATCAGCAC	TTGTGGAGATGGGG
Env	I_E_R_A_E_D_S_G_#N_E_S_E_G_E_T_S_A	M_R_V_K_E_K_Y_Q_H	L_V_E_M_G_W	V_E_M_G_H_T_M_L_I_C_S_A	ACA 6317
A1.AU.03.PS1044.Day0	G	-C-G-T-C-GAT-A-	-T-A-A-T-G-A-	-A-T-A-A-T-A-	G-5531
A1.CH.03.HIV.CH.BID_V3538	G	-T-G-TGC-GAG-A-T	-AG-G-T-G-	-T-CT-A-A-T-	G-5532
A1.ES.06.X2110	G	-C-G-G-CAG-A-	-T-C-G-T-	-A-T-G-AT-A-	G-5558
A1.IT.02.60000	G	-A-C-G-G-TGC-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-G-T-G-T-	G-6323
A1.KE.06.06KEst.001	G	-T-G-T-C-GAG-A-T	-CTAACAC-TA	-A-T-T-T-	G-5523
A1.RU.11.11RU6950	G	-A-C-G-G-TGA-GAG-A-T	-GTCACAC-TA	-ACC-A-T-GTC-	G-5841
A1.RW.07.pR463F	G	-T-G-C-C-GAT-A-T	-ATCAA-AC-TA	-AG-C-A-T-	G-6338
A1.SE.95.SE8538	G	-G-T-C-C-GAG-A-	-CTCA-CAC-TA	-A-T-T-	G-5537
A1.TZ.01.A341	G	-T-G-T-C-GAG-A-T	-GTCACAC-TA	-A-T-G-A-	G-5518
A1.UA.01.01UADN139	G	-A-C-G-G-TGC-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-A-A-G-	G-5516
A1.UG.07.p191845	C	-T-G-T-C-GAT-A-T	-GCA-CAC-TA	-A-A-C-A-A-T-G-	G-6362
A1.ZA.04.04ARAK162B1	C	-I-C-G-G-TGC-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-G-T-	G-5755
A2.CD.97.97DKTB48	GT	-C-A-T-G-C-C-GAG-A-T	-GTCACAC-TA	-A-A-G-	5660
A2.CM.01.11CM045MV	GT	-T-G-C-C-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-C-A-A-T-	5619
A2.CY.94.94CY017.41	GT	-G-C-C-GAG-A-T	-G-T-T-T-	-A-TT-G-	5677
B.AR.04.04AR143170	G	-C-G-T-CAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	GA-5514
B.BJ.09.1038.Day174	GW	-T-A-Y-G-TCAAGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-AT-A-R-T-	G-5577
B.BQ.09.DEMB0001	GT	-A-G-T-CAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-G-T-TG-	GT-5782
B.BR.06.06BR1115	G	-C-T-CAGGA-A-T	-GTCACAC-TA	-A-	5727
B.CA.07.502.1191.03	C	-G-T-CAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-T-A-	G-5758
B.CH.04.HIV.CH.BID_V4408	G	-C-G-G-TCAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-	5539
B.CN.10.03DEM10CN002	G	-C-T-CAGGA-AGT	-ATCAA-AC-TA	-T-A-	5684
B.CO.01.PCM001	C	-C-G-T-CAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-G-	5515
B.CU.99.Cu19	C	-A-T-CAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-A-	5860
B.CY.09.CY266	G	-G-G-TCATGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-TG-	5518
B.DE.04.HIV.DE.BID_V4131	GT	-CCA-GA-AGT	-ATCAA-AC-TA	-A-	G-5551
B.DK.07.PMVL.011	G	-C-T-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	5678
B.DO.05.05DO.160884	G	-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-	5521
B.ES.09.P2149.3	GT	-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-AT-T-	5766
B.FR.08.DEMB08FR002	G	-C-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-TAT-CA-	G-5678
B.GE.03.03DEM2000	G	-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	G-5539
B.JM.05.05JM.KJ108	G	-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	5520
B.JP.05.DR6538	G	-A-C-G-CAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	5521
B.KR.07.07KY4	G	-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	G-6323
B.NL.00.671.00T36	G	-A-C-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-T-G-C-	5982
B.PE.07.502.2649.w08	G	-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-RA-T-T-	5878
B.PY.03.03PY.PSP0115	G	-T-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-A-T-A-A-	G-5780
B.RU.11.11RU21n	G	-T-TCAAGG-	-ATCAA-AC-TA	-A-TG-A-	5515
B.TH.07.AA040a.WG11	G	-T-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-TG-	T 5875
B.TT.01.01TT.CRC5069	G	-G-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-TG-	G-5665
B.TW.94.TWCYS.LM49	G	-G-G-CGAGAT-T	-ATCAA-AC-TA	-G-	G-5533
B.UA.01.01UAUKV167	G	-G-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-G-	6314
B.US.05.EBV20V.TSV1290	G	-T-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-A-	5551
B.VE.10.03DEM10VE001	C	-G-TCAAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	6248
B.YE.02.02YE507	GT	-T-TCAAGG-CCT-	-ATCAA-AC-TA	-A-A-	512
C.AR.01.ARG4006	GG	-T-A-T-CAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-G-	GAT 5668
C.BR.07.DEMC07BR003	GG	-G-TCAAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-G-	5530
C.BW.00.00BW07621	G	-G-TCAAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-T-	GG 5505
C.CN.98.YNRL9840	GG	-G-G-CGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-T-C-	GG 5667
C.CY.09.CY266	G	-G-TCAAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-C-G-T-	5688
C.ES.07.X2118.2	GG	-A-G-T-CYCGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-G-	GG 5500
C.ET.02.02ET2.288	GG	-G-T-CAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-GG-T-C-	GG 5500
C.GE.03.03GEM2033	AG	-G-T-CTGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-C-C-T-	GG 5558
C.IL.98.98IS002	GG	-G-T-GCAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-C-G-T-	GG 5558
C.IN.03.D24	GG	-G-G-T-CAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-G-	GG 5558
C.KE.00.KER2010	GG	-G-G-T-CAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-G-	GG 5558
C.MM.99.MIDU101.3	GG	-G-G-T-CAGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-G-	GG 5558
C.MW.93.93MW.965	GG	-T-G-T-CAGGA-A-T	-G-CAAAC-T	-C-A-T-	GG 5519
C.SN.90.90SE.364	GG	-C-G-TG-TGAG-A-T	-G-CAAAC-T	-A-G-T-	GG 5504
C.SO.89.89SM.145	GG	-G-G-T-CTGAG-A-T	-G-CAAAC-T	-C-AT-T-	GG 5526
C.US.98.98US.MSC3018	GG	-T-G-TCTGAG-A-T	-G-CAAAC-T	-A-T-T-	GG 5500
C.UY.01.TRA3011	GG	-T-G-TCTGAG-A-T	-G-CAAAC-T	-GG-T-T-	GGG 5491
C.YE.02.02YE511	GG	-C-G-TCTGAG-A-T	-G-CAAAC-T	-C-T-	GG 5506
C.ZA.10.03DEM10ZA001	G	-A-T-G-TCAAGG-ACT	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	GG 5509
C.ZM.02.02ZM108	A	-T-G-TCTGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-GG-T-T-	CTG 5670
D.CD.83.ELI	C	-C-G-G-T-GAGGA-A-T	-ATCAA-AC-TA	-C-A-	TG 6303
D.CM.10.03DEM10CM009	G	-C-G-G-T-A-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	G-
D.CY.06.CY163	G	-G-G-T-A-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-AT-TG-	5859
D.KE.97.ML415.2	G	-A-G-C-G-C-GAT-A-T	-ATCAA-AC-TA	-C-CA-	G-5691
D.KR.04.04KBHB	G	-G-G-TGA-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-A-	5524
D.SN.90.SE365	A	-T-G-TGA-AAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-G-T-	G-5780
D.TD.99.MN011	G	-T-T-A-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-G-	6269
D.TZ.01.A280	G	-T-C-C-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-C-TT-	G-6330
D.UG.08.p191859	G	-T-GA-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-C-TT-G-	5540
D.YE.02.02YE516	G	-G-G-TGA-GAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-G-	5514
D.ZA.90.R1	G	-C-G-G-TGGAG-A-T	-ATCAA-AC-TA	-A-T-	6319
F1.A0.06.A0.06.ANG125	G	-TT-T-G-	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	G-5527
F1.AR.02.ARE933	G	-G-G-TG-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5662
F1.BE.93.V1858	G	-G-G-TG-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5662
F1.BR.01.01B7844	G	-G-G-TG-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	G-5506
F1.CS.08.CY22	G	-G-G-TG-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5662
F1.ES.11.DEMF110ES001	G	-G-G-TG-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5506
F1.FI.93.FIN933	G	-G-G-TG-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5506
F1.FR.96.96FR.MP411	G	-G-T-TGC-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5520
F1.R0.96.BCI.R07	G	-C-A-G-T-GC-GA-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	6347
F1.RU.08.D88.845	G	-T-G-TGC-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5782
F2.CM.10.03DEM210CM007	GG	-G-G-TGC-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5662
F2.CM.97.CM53657	G	-G-G-TGC-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	G-5506
G.BE.96.DRCBL	G	-G-G-TG-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	6277
G.CM.10.03DEM10CM008	G	-AT-	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	T-5704
G.CN.98.GX.2084.08	GG	-T-A-G-	-G-TG-GAG-A-T	-A-A-	5559
G.CU.99.Cu74	G	-G-G-TG-GAG-A-T	-G-TG-GAG-A-T	-A-C-	T-5927
G.E.S.09.X2634.2	G	-A-A-G-C-GA-A-GT	-G-CAAAC-TA	-T-	5806
G.GH.03.03GH175G	G	-G-G-T-C-GAC-A-T	-G-CAC-TA	-G-A-A-T-	G-6363
G.KE.93.HH8793.12.1	G	-G-G-T-GAG-A-T	-G-CACAC-TA	-C-	5723
G.NG.09.09NG.SC62	G	-A-G-T-C-GA-A-T	-G-CCACCC-T-	-A-A-	5511

	Vpu end	Env signal peptide end	Env gp120 start
B.FR.83.HXB2	Env start		ACA 6317
Vpu	TAGAAAGGAGCAGAAGACAGTGGCA	ATGAGAGTGAAGGAGAAATATCAGCAC	L V E M G
Env	I E R A E D S G # N E S V K E Y Q O H	W R W G T M L L G M L M I C S A	W R W G T M L L G M L M I C S A
G.PT.X.PT3306	G	G-CAC-T	G-CAC-T
G.SE.93.SE6165.G6165	G	A-AAC-T	A-G-T
H.BE.93.VI991	G	T-C-GAT-A-T	T-A-T
H.CP.90.VI997	G	C-G-T-C-GAG-A-T	A-T
H.GB.90.00GBAC4001	G	G-C-GAG-A-T	G-T
J.CD.97.J07DC.KTB147	G	T-C-GAT-A-T	T-G
J.CM.94.04CMU11421	G	C-C-GAG-A-T	C-T
J.SE.93.592887887	G	G-C-GAG-A-T	G-T
J.SE.94.SE9173.7022	G	G-C-GAG-A-T	T-G
K.CD.97.97ZK.E0TB11	G	G-C-GAG-A-T	A-T
K.CM.96.96CM.MPS53	G	G-C-GAG-A-T	A-T
01 AE.AF.07.569n	G	G-C-GAG-A-T	T-T-A
01 AE.CN.09.1119	G	G-C-GAG-A-T	T-T-G
01 AE.HK.04.HK001	G	G-C-GAG-A-T	G-A-T
01 AE.PP.DM002	G	G-C-GAG-A-T	G-A-T
01 AE.TH.04.BKM	G	G-C-GAG-A-T	G-A-T
01 AE.TH.09.A111a.WG11	G	G-C-GAG-A-T	G-A-T
01 AE.TH.09.CM249	G	G-C-GAG-A-T	G-A-T
01 AE.VN.98.98VNND15	G	G-C-GAG-A-T	G-A-T
02 AG.CM.08.DE00208CM001	GG	G-C-GAG-A-T	G-A-T
02 AG.ES.05.I1251	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
02 AG.FR.91.D3263	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
02 AG.GH.03.03GH181AG	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
02 AG.LR.x.POC44951	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
02 AG.NG.x.IBN	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
02 AG.SN.98.98SE.MP1211	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
02 AG.US.98.582.2096.FL01	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
02 AG.UU.02.02270683	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
03 AB.RU.97.02AL153.2	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
04 CPX.CY.94.94CY032.3	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
05 DF.BE.X.VII310	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
06 cpx.BE.X.BFP90	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
07 BC.CN.98.98CN009	G	T-G-T-C-GAG-A-T	A-T
08 BC.CN.06.nx2	GG	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
09 cpx.GH.96.96GH2911	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
10 CB.TZ.96.96TZ.BF061	GG	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
11 cpx.CM.95.95CM.1816	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
12 BF.AR.99.ARMA159	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
13 cpx.CM.96.96CM.1849	GG	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
14 BG.ES.05.X1870	GG	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
15 BG.ES.09.09.MU2079	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
16 BG.KR.97.07700094	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
17 BF.AR.99.ARMA038	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
18 cpx.CU.99.CU76	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
19 cpx.CU.99.CU7	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
20 BG.CU.99.CU103	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
21 A2D.KE.99.KER2003	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
22 01A1.CM.01.01CM.0001BBY	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
23 BG.CU.03.CB118	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
24 BG.ES.08.X2456.2	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
25 cpx.CM.02.1918LE	GGAC	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
26 AU.CD.02.02CD.MBTB047	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
27 CPX.FR.04.04CD.FR.KZS	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
28 BF.BR.99.BREPM12609	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
29 BF.BR.04.BRMPI16704	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
31 BG.BR.04.04BR00000000	GG	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
32 BG.BR.04.04BR00000000	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
33 01B.ID.07.JKT189.C	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
34 01B.TH.99.OUR2478P	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
35 AD.AF.07.169H	GT	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
36 cpx.CM.00.00CMNYU830	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
37 cpx.CM.00.00CMNYU926	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
38 BF1.UY.03.UY03.3389	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
39 BF.BR.04.04BRRIJ179	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
40 BF.BR.05.05BRJR055	G	T-G-T-CGAG-A-T	A-T
42 BF.LU.03.1UBF.05.03	GC	T-CATGA-A-T	T-CATGA-A-T
43 02G.SA.03.J11223	G	T-C-GAG-A-T	T-C-GAG-A-T
44 BF.CL.00.00.0000	G	T-C-GAG-A-T	T-C-GAG-A-T
45 GP.FR.94.04FR.AUK	G	T-C-GAG-A-T	T-C-GAG-A-T
47 BF.BR.07.P1942	G	T-C-GAG-A-T	T-C-GAG-A-T
48 01B.MY.07.07MYKT021	G	T-C-GAG-A-T	T-C-GAG-A-T
49 cpx.GM.03.N26677	G	T-C-GAG-A-T	T-C-GAG-A-T
51 01B.SG.11.11SG.HM021	C	T-CGAGGA-A-T	G-CACAC-T
52 01B.MY.03.03MYKL018.1	G	T-CGAGGA-A-T	G-CACAC-T
53 01B.MY.11.11FIR164	G	T-CGAGGA-A-T	G-CACAC-T
54 01B.MY.09.09MYSB023	G	T-CGAGGA-A-T	G-CACAC-T
55 01B.CN.10.HNCIS102056	G	T-CGAGGA-A-T	G-CACAC-T
0.BE.87.ANT70	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-T
0.CM.91.MVP5180	AG	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-A
0.CM.98.98CMCA104	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-A
0.FR.92.VAU	G	T-TAGG-T-T-C-ATT	A-C-A-T-G
0.SN.99.995E.MP1299	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
0.US.10.LTNP	GG	T-TAGG-C-T-T-A-T	A-C-A-T-G
0.US.97.97US08692A	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
N.CM.02.DJ00131	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
N.CM.04.04CM.1015.04	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
N.CM.06.014842	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
N.CM.95.YBF30	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
N.CM.97.YBF106	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
N.FR.11.NI.FR.2011	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
P.CM.06.U14788	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
P.FR.09.RBF168	G	T-TAGG-T-T-A-T	A-C-A-T-G
CPZ.CD.06.BF1167	ACC-G	T-GAG-GT	T-GAG-GT
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	G	T-GAG-GT	T-GAG-GT
CPZ.GA.88.GAB1	G	T-GAG-GT	T-GAG-GT
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	GT	T-GAG-GT	T-GAG-GT
CPZ.US.85.US.Marilyn	G-AT	T-GAG-GT	T-GAG-GT

B.FR.83.HXB2	Env	...GAA...AATTGTGGTCACAGTCTATTATGGGGTACCTGTGGAAAGGAAGCAACCACCACTCTATTGGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGTTGGGCCACACATGCCCTGTACCCACAGACCCCACACCACAGAAAGTAGATT 6481
A1.AU.03.PS1044 Day0		-E-KLWVTVYGYGVPPVWKEAATTTLFCASDAAKAYDTEVHNVWATHAACVPPTDPNPQEVEVL
A1.CH.03.HIV CH-BID_V3538		-C-AG-TTG-C-G-A-G-TG-C-T-G-A-G-C-C-T-T-G-A-G-C-C-T-T-G-C-A-AAT-5695
A1.ES.06.X2116		-T-C-T-T-A-G-A-C-GA-T-GAG-G-C-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-A-CCT-5696
A1.IT.02.6000		-T-C-T-G-A-C-GA-T-GAG-G-C-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-A-C-T-5722
A1.KE.06.06KEst 001		-T-C-T-G-A-C-GA-T-GAG-G-C-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-A-G-5686
A1.RU.11.1IRU6950		-G-C-T-T-A-G-A-C-A-GA-T-GAG-G-C-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-A-CG-5687
A1.RW.07.pr463F		-G-C-T-T-A-G-A-C-A-GA-T-GAG-G-C-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-G-CATC-6502
A1.SE.95.5E8538		-C-C-T-T-C-GA-C-GAT-CT-C-A-G-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-T-CAT-5701
A1.TZ.01.A341		-C-C-T-T-C-GA-C-GAT-CT-C-A-G-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-T-G-6005
A1.UA.01.01UADN139		-G-C-T-T-A-C-GA-T-GAG-G-C-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-T-A-CCT-5682
A1.UG.07.p191845		-G-C-T-T-A-C-GA-T-GAG-G-C-C-T-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-T-AC-TAT-6526
A1.ZA.04.04ZASK162B1		-G-C-T-T-A-C-GA-T-GAT-C-A-G-A-G-A-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-A-GAAT-5919
A2.LD.04.97DKTB48		-C-G-T-A-C-GA-T-GAT-C-A-G-A-G-A-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-T-A-AAC-5824
A2.CM.01.91CM1445MV		-C-G-T-A-C-GA-T-GAT-C-A-G-A-G-A-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-A-ACC-5683
A2.CY.94.94CY017_41		-C-G-T-A-C-GA-T-GAT-TC-A-G-A-G-A-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-A-AAC-5841
B.AR.04.04AR143170		-T-A-A-T-R-AGC-G-A-G-Y-C-C-T-T-G-A-TGC-G-RC-5678
B.AU.04.PS10381 Day174		-T-C-A-G-C-G-A-G-C-C-T-T-G-C-G-RC-5611
B.BR.06.06MBR0061		-C-GT-A-A-G-A-G-C-C-T-T-G-C-G-RC-5846
B.CA.07.505_1191_03		-A-GGATC-GGG-A-A-G-G-AA-G-C-C-T-C-G-C-C-T-G-C-G-TG-G-AG-A-5925
B.CH.04.HIV CH-BID_V4408		-T-A-A-G-A-T-C-C-T-C-G-C-C-T-G-C-C-AT-C-G-C-T-T-G-C-G-AT-5703
B.CN.10.DEMB10CN002		-T-A-A-G-A-T-C-C-T-C-G-C-C-T-G-C-C-AT-C-G-C-T-T-G-C-G-AT-5848
B.CO.01.PCM001		-C-C-A-G-A-T-C-C-T-C-G-C-C-T-G-C-C-AT-C-G-C-T-T-G-C-G-5679
B.CU.99.Cu19		-C-G-T-A-A-G-A-G-A-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-6024
B.CY.09.CY266		-G-T-A-A-G-A-G-A-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-5682
B.DE.04.HIV DE BID V4131		-G-T-C-A-A-G-A-A-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-5715
B.DK.07.PMVL 011		-C-G-A-A-G-A-A-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-A-5842
B.DO.05.05DO 160884		-G-C-G-A-A-G-A-A-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-A-5930
B.ES.09.P2149_3		-C-G-C-G-A-A-G-A-A-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-GG-5842
B.FR.08.DEMB08FR002		-C-C-G-A-A-G-A-A-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-A-5670
B.GE.03.03GEM2004		-A-G-C-C-G-A-A-G-A-A-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-A-5681
B.II.05.05JUN_K108		-A-G-A-A-G-A-A-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-A-5685
B.JP.05.DR6538		-G-C-C-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-6487
B.KR.07.07KY4		-G-GG-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-6146
B.NL.00.671_00T36		-G-C-GG-A-A-T-C-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-6042
B.PE.07.502_2649_w08		-G-C-GG-A-A-T-C-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-5944
B.PY.03.03PY_PSP0115		-GY-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-R-A-AA-5679
B.RU.11.11RU21n		-C-T-A-A-G-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-6039
B.TH.07.AA040a_WG11		-C-C-A-A-G-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-5829
B.TT.01.01TT_CRC50069		-C-T-A-A-G-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-5697
B.TW.94.TWCYS_LM49		-C-A-A-T-AA-T-T-C-A-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-6478
B.UA.01.01UAKV167		-C-A-A-T-AA-T-T-C-A-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-AA-5715
B.US.02.ES38		-C-A-A-T-AT-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-6412
B.UY.02.00T_TSU1290		-C-T-A-A-A-A-T-AT-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-5676
B.UD.10.DEMBI0VE001		-C-T-A-A-A-A-T-AT-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-6332
B.YE.02.02YE507		-C-T-A-A-C-A-T-AT-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-AA-5694
C.AR.01.ARG4086		-GG-C-A-A-T-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-5669
C.BD.07.DEMB07BR003		-GG-C-A-A-T-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-GA-5831
C.BN.00.00W067621		-GG-C-C-C-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-GAT-5832
C.CN.08.YNRL9840		-C-C-C-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-GAT-5664
C.CY.89.CY260		-C-C-A-AGG-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-5722
C.ES.67.X2118_2		-GG-C-C-T-G-C-C-T-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-C-C-5905
C.ET.02.02ET_288		-GG-T-C-A-C-G-C-T-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-T-G-C-A-5701
C.GE.03.03GEM2033		-C-C-A-A-T-A-A-G-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-5676
C.IL.98.98IS002		-G-C-C-T-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-5842
C.IN.03.D24		-G-C-G-C-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-T-6513
C.KE.03.KER2010		-GG-C-C-C-A-A-G-T-C-C-G-C-A-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-5670
C.MM.99.mIDU101_3		-G-C-C-A-A-G-T-C-C-G-C-A-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-AT-5831
C.MW.93.93MW_965		-A-G-GGC-A-A-C-A-A-A-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-5683
C.SN.90.90SE_364		-GG-C-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-T-5668
C.SO.89.89SM_145		-GG-C-C-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-C-G-5710
C.TZ.02.02T_507		-GG-C-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-C-G-5664
C.ZE.00.00W055		-GG-C-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-C-T-T-G-C-A-G-CT-5670
C.ZU.01.TR43011		-GG-C-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5673
C.YE.02.02YE511		-GG-C-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-G-C-T-T-G-C-A-C-A-5834
C.ZA.10.DEMC10ZA001		-GG-C-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-G-C-T-T-G-C-A-C-A-6467
C.ZM.02.02ZM108		-GG-T-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-G-A-A-C-C-T-T-G-C-A-C-A-6467
D.CD.10.02ELI		-C-T-C-A-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-6023
D.CM.10.01DEM10CM009		-T-T-G-A-G-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5855
D.CY.06.CY163		-T-T-G-A-G-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-T-5688
D.KE.97.ML415_2		-C-C-T-T-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5944
D.KR.04.04KKB8		-G-C-T-T-C-A-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-A-6494
D.SN.90.SE365		-G-G-T-C-A-C-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-AGC-5704
D.TD.99.MN011		-G-C-G-T-C-A-T-T-G-A-A-A-G-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-G-ATC-5678
D.TZ.01.A280		-G-C-G-T-C-A-T-T-G-A-A-A-G-TG-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-6483
D.UG.08.p191859		-G-T-G-A-G-A-A-T-G-A-A-G-TG-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-6591
D.YE.02.02YE516		-G-T-G-A-G-A-A-T-G-A-A-G-TG-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-G-5826
D.ZA.90.R1		-G-C-T-T-C-A-T-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-6467
F1.A0.06.AA_06.ANG125		-C-C-T-T-G-A-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5781
F1.AR.02.AR0933		-C-C-T-T-G-A-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5827
F1.BE.93.V1850		-C-C-T-T-G-A-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-6268
F1.BR.07.07BR844		-G-C-T-C-A-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5677
F1.CS.08.08CS001		-C-C-T-T-G-C-C-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5819
F1.FI.93.DEMF110E5001		-T-G-C-T-T-A-A-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5816
F1.FI.93.FIN9363		-T-G-C-T-T-A-A-G-A-A-T-T-C-G-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5864
F1.FR.96.96FR_MP411		-C-C-T-T-G-C-C-T-T-T-GT-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-6511
F1.RO.96.BCI_R07		-G-C-T-T-G-C-C-T-T-T-GT-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5946
F1.RU.08.D88_845		-A-C-T-C-A-T-G-A-A-T-T-GT-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-5826
F2.CM.10.DEMF210CM007		-T-T-C-A-G-A-G-G-C-C-T-T-T-G-C-A-C-C-5826
F2.CM.97.CM53657		-T-T-C-A-G-A-G-G-C-C-T-T-T-G-C-A-C-C-5670
G.BE.96.DRCBL		-G-G-A-T-T-ATG-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-T-T-G-C-A-C-AATAA-6441
G.CM.10.DEMG10CM008		-G-G-A-GA-GAT-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-T-T-G-C-G-C-T-TC-5868
G.CN.08.GX_2084_08		-G-G-A-GAT-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-T-T-G-C-A-AAGA-5723
G.CU.99.Cu74		-ART-C-C-A-G-C-GATG-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-T-T-GA-CCTC-6091
G.ES.09.X2634_2		-A-C-C-T-GAT-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-T-T-GA-CCTC-5970
G.GH.03.03GH175G		-G-A-T-GAT-C-C-T-G-C-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-T-T-GA-CCTC-6527
G.KE.93.HH8793_12_1		-A-T-C-C-G-A-G-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-T-T-GA-CCTC-5887
G.NG.09.09NG_SC62		-T-T-C-A-G-C-A-G-G-C-G-C-T-T-G-C-A-C-C-T-T-GA-GTC-5675

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

		V1 loop start	
B.FR.83.HXB2			6635
Env			
G.PT.X.PT3306			6581
G.SE.93.SE6165_G6165			6038
H.BE.93.VI991			6013
H.BE.93.VI997			5940
H.CF.90.056			5975
H.GB.00.006BAC4001			6143
J.CD.97.J.97DC.KTB147			5835
J.CM.04.04CMU1422			6146
J.SE.93.SE9288_7887			5954
J.SE.94.SE9173_7022			5955
K.CD.97.97ZR.EQTB11			5830
K.CM.96.96CM.MP535			5834
01.AE.AF.07.569N			5838
01.AE.CN.09.1119			5869
01.AE.HK.04.HK001			6005
01.AE.JP.X.DR8492			6556
01.AE.RH.04.RH001			6556
01.AE.TH.09.AA111a.WG11			6203
01.AE.TH.90.CM240			5890
01.AE.VN.98.98VNND15			6630
02.GC.CM.08.DE09208CM001			6009
02.AG.ES.06.P1261			6076
02.AG.FR.91.D1263			5986
02.AG.GH.03.03GH181AG			6661
02.AG.LR.x.POC44951			6162
02.AG.NG.IX.IBNIG			5843
02.AG.SN.98.98SE.MP1211			5835
02.AG.US.06.502.2696.FL01			5828
02.AG.UZ.02.02020683			5805
03.AR.RZ.97.00153_2			6005
04.CP.CY.94.0406032_3			6023
05.DP.BE.X.VII310			6671
06.CP.AU.96.BFP90			5966
07.BC.CN.98.98CN09			6566
08.BC.CN.06.nx2			5846
09.CP.X.GH.96.96GH2911			6032
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061			6004
11.CP.CM.95.95CM.1816			6636
12.BF.AR.95.ARMA159			6045
13.CP.CM.96.96CM.1849			6031
14.BG.ES.05.X1870			6108
15.01B.TH.99.99TH.MU2079			6031
16.AD.KR.99.97KR004			6145
17.BF.AR.99.AR00338			5934
18.CP.CU.99.CU76			5839
19.CP.CU.99.CU7			6108
20.BG.CU.99.CU103			5836
21.A2D.KE.99.KER2003			5841
22.01A.CM.01.01CM.0001BBY			6084
23.BG.CU.03.CB118			6092
24.BG.ES.08.X2456_2			5849
25.CP.CM.02.1918LE			6635
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047			6631
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS			5997
28.BF.BR.99.BREPM12699			6024
29.BF.BR.01.BREPM16704			6144
31.BC.ES.01.01ES.01			6276
32.CP.ES.01.01ES.01			6236
33.01B.ID.97.JKT189.C			5837
34.01B.TH.99.OUR2478P			5841
35.AD.AF.07.169N			5850
36.CP.CM.00.00CMNYU830			5828
37.CP.CM.00.00CMNYU926			6061
38.BF.UY.03.UY3389			6118
39.BF.BR.04.04BRRIJ179			6144
40.BF.BR.05.05BRRIJ055			6169
42.BF.LU.03.LuBE.05.03			6166
43.026.SA.03.J11223			6083
44.BF.CL.00.CH80			6664
45.CP.FR.04.04FR.AUK			6068
46.BF.BR.07.07FBZ.FPS625			6079
47.BF.ES.08.P1942			5840
48.01B.MY.07.07MYKT021			6059
49.cpx.GM.03.N26677			5835
51.01B.SG.11.11SG.HM021			5949
52.01B.MY.03.03MYKU018_1			5972
53.01B.MY.11.11FIR164			6037
54.01B.MY.09.09NSYSB023			5942
55.01B.CN.10.HNC5102056			6682
0.BE.87.ANT70			6117
0.CM.91.MVP5180			6675
0.CM.98.98CMA104			6126
0.FR.92.VAU			6206
0.SN.99.99SE.MP1299			6693
0.US.10.LTNP			6588
0.US.97.97US08692A			6101
N.CM.02.DJ00131			6110
N.CM.04.04CM.1015_04			6110
N.CM.06.U14842			6110
N.CM.95.YBF30			6222
N.CM.97.YBF106			6202
N.FR.11.NI.FR.2011			6017
P.CM.06.U14788			6121
P.FR.09.RBF168			6682
CPZ.CD.06.BF1167			6731
CPZ.CM.05.SIVcpzMTI145			6180
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13			6705
CPZ.US.85.US.Marilyn			6706

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

	V1 loop end	V2 loop start	
B.FR.83.HXB2	GGG...AGAATGATAATG...GAGAAAGGAGAGATAAAAACCTGCTTCAATATCAGCACAAAGC 6716		
Env	G...R M I M ...E K G E T K N C S F N I S T S		
A1.AU.03.PS1044 Day9	.AAT...AC-CC-TGAA...AT-A-A-G-G-G	-A-CG-G-C-GTA 5954	
A1.CH.03.HIV CH BID_V3538	.CTTAAATAATAGCACCCATAGATAAT-A-CCCT-AT	.AT-A-T-A-A-G-G-G	-TT 5913
A1.ES.06.X2116	.AC-TC-AT	.AG-TTA-AG-G	-A-C-G-C-GA 5951
A1.IT.02.60000	.AC-GA-AT	.AT-G-A-A-G	-A-C-G-C-GA 6742
A1.KE.06.06KEst 001	.AC-G-AT	.GC-G-A-G	-A-C-G-C-GAG 5934
A1.RU.11.1IRU6950	.GTC-AT	.CC-C-G-C	-G-C-G-C-GA 6258
A1.RW.07.pR463F	.GTC-CC-AT	.TG-GTT-A-TA-G-G	-G-C-CT-GA 6707
A1.SE.95.S8538	.GTC-CC-AT	.AT-CG-A-A	-G-A-C-GA 5933
A1.TZ.01.A341	.G-C-C-TT	.AC-GT-CGGA	-G-C-G-C-GA 5902
A1.UA.01.0IUADN139	.TTA-AT	.C-GG-A-GA-G	-C-G-CA-GA 5924
A1.UG.07.p191845	.AC-CC-AT	.TT-T-T-A-A-G-G	-G-A-C-GA 6785
A1.ZA.04.04ZASK162B1	.GO-G-	.C-GG-A-G	-G-G-CT-GA 6172
A2.CD.97.97LDR1B48	.AC-CC-AT	.AT-G-AAT-A	-A-G-C-GA 6032
A2.CM.01.01CM 1445MV	.AC-CC-AT	.AGC-CT-A-A	-A-TTA-GCC-GA 5883
A2.CY.94.94CY017_41	.ACCCAT-GC-A-C-T	.ACC-CGAA-A-G	-A-CT-C-TA 6073
B.AR.04.04AR143170	.G-CC	.CCC-GCCCC	-A-C-G-G-5898
B.AU.04.PS1038 Day174	.G-C-G-T	.ATT-GCT-CTG-T-CT	-T-C-G-G-5932
B.BR.06.06MB100001	.GT-GAA	.ATT-TGG-GA-A	-T-T-G-C-G-6053
B.CA.07.502_1191_03	.GAC-C-T	.AT-G-TTG-CAT	-G-C-G-6120
B.CH.04.HIV CH BID_V4408	.TG-GC-AT	.AT-T-AT-AT	-G-C-G-C-G-6163
B.CN.10.DEMB10CN002	.AACAAT..ACT	.AT-GTGGC-ATC	-G-C-G-C-G-5947
B.CO.01.PCM001	.G-G-GGG	.AT-TGAGCTTC	-TC-G-6092
B.CU.99.Cu19	.G-G-T	.AT-TGAGCTTC	-G-C-G-C-G-5905
B.CY.69.CY266	.A-CC-AT	.AT-TGGGA-AG	-T-C-G-G-6271
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	.G-T	.AT-CCTGG-AG	-TA-C-G-5926
B.DK.97.PMVL 011	.TCTGGG..AT	.AT-T-GGAT-G	-C-G-GAG 5980
B.DO.05.05DO_160884	.AT-C-C-T	.AT-GTCCC-C	-C-G-GA 6098
B.ES.09.P2149_3	.AT	.AT-TG-GA-T	-C-G-GAT 5896
B.FR.08.DEMB08FR002	.GAA-C-AT	.AT-TG-GA-A-G	-C-G-G-6144
B.GE.03.03GEM2004	.G-C-GG	.AT-G-GAA-AG	-G-C-G-C-G-6116
B.BR.05.05DEM129389	.AATAGT..ACT	.AT-GTC-AT-GT-A	-G-T-C-G-5920
B.JM.01.01JM_K108	.AG-A-GG	.AT-GAT-GA-ATGAA	-G-C-G-C-G-6052
B.JP.05.DR6538	.G-GT-GG	.AT-GTGGC-GA	-G-C-G-C-G-5911
B.KR.07.07KYK4	.G-C-C-GAG	.AT-GTGTG-C-CCA	-G-G-6734
B.NL.00.671_00T36	.ACTAAAT..ACT	.AT-GAG-AAG	-G-G-T-C-G-6375
B.PE.07.502_2649_w08	.G-TCC-AT	.AT-GAT-GA-C-A	-C-G-C-G-6289
B.PY.03.03PY_PSP0115	.G-TCC-AT	.AT-GCA-AT	-G-C-G-AG 6158
B.RU.07.11RU21n	.G-C-A-T	.AT-TGGGAGG-G	-C-G-C-CA 5914
B.TH.07.07AA040a_WG11	.G-C-AG	.GA-A-G	-C-C-6253
B.TT.94.TWCYS LM49	.G-C-G-T	.AT-GT-GC-A	-G-C-G-C-6055
B.UA.01.01UAUVK167	.AT	.AT-CTGACGGG-A	-G-C-G-C-G-5923
B.US.01.ES38	.GTC-C-AT	.AT-T-A-G-A	-G-C-G-6704
B.UY.02.02UY_TSU1290	.ACT	.AT-CCC-T-C	-G-C-G-5980
B.VI.01.01DEM10VIE001	.G-G-T	.AT-T-GGAATAC	-T-C-G-6641
B.YE.02.02YE507	.G-CC-AT	.AT-TGAGTGG-G	-A-A-G-5953
C.AR.01.AR4086	.G-TCC-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-6076
C.BR.07.DEM07BR003	.AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.BW.00.00WVH621	.G-A-GA	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.CN.08.YNRL9840	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.CY.09.CY260	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.ES.07.X2118_2	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.ET.02.02ET_288	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.GE.03.03GEM2033	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.IL.98.98IS002	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.IN.03.D24	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.KE.00.KER2010	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.MM.99.mIDU101_3	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.MW.93.93MW_965	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.SN.90.90SE_364	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.SO.89.89SM_145	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.TZ.00.50T	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.U.00.50WUC_MSC3018	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.UV.01.TRA3011	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.YE.02.02YE511	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.ZA.18.DEMC10ZA001	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
C.ZM.02.02ZM108	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.CD.23.ELI	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.CM.10.DEMD10CM009	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.CY.06.CY163	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.KE.07.ML415_2	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.KR.04.04KBH8	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.SN.90.SE365	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.TD.99.MN011	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.TZ.01.A280	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.UG.08.p191859	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.YE.02.02YE516	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
D.ZA.90.R1	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-5953
F1.AO.06.OA_06.ANG125	.TCC-C-AT	.CCC-AGGA-A	-G-C-G-GA 5800
F1.AR.02.ARE933	.CG-C-A	.CC-C-ACA-C	-G-G-C-GA 6004
F1.BE.93.V1850	.G-G-C-AT	.CC-C-GA-C	-G-C-G-GA 6035
F1.BR.07.07BR844	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6532
F1.CM.08.08CM001	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6006
F1.ES.05.DEMF110ES001	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6057
F1.FI.93.FIN9363	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6051
F1.FR.96.96FR_MP411	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 5922
F1.RO.96.BCI_R07	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6773
F1.RU.08.D88_845	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6187
F2.CM.10.DEMF210CM007	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6058
F2.CM.97.CM53657	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 5911
G.BE.96.DRCB	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6658
G.CM.10.DEMG10CM008	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6106
G.CN.08.GX_2084_08	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 5958
G.CU.99.Cu74	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6320
G.ES.09.X2634_2	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6211
G.GH.03.03GH175G	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6786
G.KE.93.HH8793_12_1	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 6107
G.NG.09.09NG_SC62	.G-G-C-AT	.AT-TG-GA-C	-G-C-G-GA 5922

	V1 loop end	V2 loop start
B.FR.83.HXB2	..ACTAATACC..	.AATAGTAGTAGC..
Env	..T N T ..	.N S S ..
G.PT.X.PT3306	..GTA-CC-G-	..AATAGTACTAGTACAGGC-AC-C-CT
G.SE.93.SE6165_G6165	..GGC-C-AA..	..AGAAAATAATAGCACTGATAATAGC-C-GA-CC-A..
H.BE.93.VI991	..GA-L-C-A..	..AATGTAACAAAAGT--AC-CA..
H.BE.93.VI997	..A-G-T..	..AGTAGC-GL-G-CTC-AT..
H.CF.90.056	..A-G-A..	..ACTAGC-CCTC-AC..
H.GB.00.000BAC4001	..G-T..	..ACTAGC-A..
J.CD.97.J.97DC.KTB147	..A-G-T..	..AACAGCAGGACCAACCCCGCTAGCCA-CC-GAT..
J.CM.04.04CMU1422	..A-G-A..	..G-C-T..
J.SE.93.SE9288_7887	..G-G-A..	..AAC..
J.SE.94.SE9173_7022	..A-G-A..	..A-T..
K.CD.97.97ZR.EQTB11	..CG-CC-AT..	..GCAAATAAGAACG-CC-A-T..
K.CM.96.96CM.MP535	..AC-T-A..	..AAATAGL-CC-A-A-GLA..
01.AE.AF.07.569N	..AGCTC-A..	..AACACGATC-G-GAC-AA-TA..
01.AE.CN.09.1119	..T-A..	..ACAACCCAGAAT-TA-A-CYTG..
01.AE.HK.04.HK001	..CC-A-G-GG..	..AAATAACATA-CC-A-GCTCT..
01.AE.HV.04.HV001	..TC-GT..	..TCT..
01.AE.TH.09.AA111a_WG11	..A-G-C-G..	..AACATAAAGCCGGAGA-A..
01.AE.VN.98.CM240	..A-GG-GT..	..AGCAAA-CC-A-GTCTCT..
01.AE.VN.98.PVNND15	..A-G-G..	..GCTATTG-CC-A-TG-AT..
02.AG.CM.08.DE09208CM001	..TGC-C-G..	..AGTAGCCCCAACAC-CTCTC-A..
02.AG.ES.06.P1261	..GC-GC-AT..	..AC-CAGA..
02.AG.FR.91.D1263	..A-GC-G..	..ACCTCTGGG-AGTC-AC-CA..
02.AG.GH.03.03GH181AG	..TA-G..	..ACT..
02.AG.LR.x.POCA44951	..TAC-GC-A..	..AAC..
02.AG.NG.x.IBN1	..GA-C-A..	..CT-CT-GTGC..
02.AG.US.06.502.2696.FL01	..G-G-C..	..AT..
02.AG.UZ.02.02020683	..GTC1-C-A..	..T-A-T-AT..
03.AR.RU.97.9753_2	..GT-C-GTAC..	..AGT-GC-CGG-ATCT..
04.CP.CY.04.04032_3	..DP-BE.X.VII310	..TCCACTGCCAATTC-CC-CC-ACTC..
05.CP.AU.96.BFP90	..AC-A-A..	..TTAGGTAAACATAGTACTAATAGTACATTAGG-AT..
07.BC.CN.98.98CN009	..A-C..	..AGTAAATTG-CCT-C-AT..
08.BC.CN.06.nx2	..AAACCC-A..	..ATT-GG--CCTA..
09.Cpx.GH.96.96GH2911	..A-G-C-TGTT..	..AAT..
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	..TG-C-AT..	..GTAGAGAAGATAATACTCTTAAAGGAATAGC-CT-C-C..
11.Cpx.CM.95.95CM.1816	..GCAATAATGCCACTGCAATGGC-C-CAA-A..	..GCC-C-A-G-T..
12.BF.AR.95.ARMA159	..GC-C-TC-AT..	..A-C..
13.Cpx.CM.96.96CM.1849	..A-A-C-AT..	..AATAGTGTATTAATAGACTAAT-C-A-A-GAT..
14.BG.ES.05.X1870	..TC-G-G..	..GCCACCAAT-G-C-CAA-A..
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	..TC-G..	..ACTTRITGC-C-A-T..
16.AD.KR.99.97KR004	..GGA-C-A..	..AAT..
17.BF.AR.99.AR00338	..T..	..AAT..
18.Cpx.CU.99.CU76	..T..	..AAT..
19.Cpx.CU.99.CU7	..T..	..AAT..
20.BG.CU.99.CU103	..T..	..AAT..
21.A2D.KE.99.KER2003	..T..	..AAT..
22.01A.CM.01.01CM.0001BBY	..T..	..AAT..
23.BG.CU.03.CB118	..T..	..AAT..
24.BG.ES.08.X2456_2	..GA..	..CATGTAAACAGTGCCGG-G-M-C-GTA..
25.Cpx.CM.02.1918LE	..GC-CAGGA..	..AAAT-CA-AC-A..
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	..GA-C-G..	..AGGATT-C-GAC..
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	..T..	..AAATGCTACTAAT-CC-G-AT..
28.BF.BR.99.BREPM12609	..A-TT..	..GATGCTAGCACCAAGCTCTTAC-CC-AG-AT..
29.BF.BR.01.BREPM16704	..A-TT..	..GATGCTAGCACCAAGCTCTTAC-CC-AG-AT..
31.BF.ES.04.04BFR1422	..A-GCA..	..ATTAAATGGTACTATGTG-GG-A-CC-AG..
32.BF.ES.04.04BFR1422	..AA-GC-AT..	..AACACAGTCAATGTC-CT-GAA-TA..
33.01B.ID.97.JKT189_C	..A-GTA-T..	..GACAGCCAC-C-A-A-GA..
34.01B.TH.99.OUR2478P	..A-..	..CCCCAAAGACC-CG-G-C-AG..
35.AD.AF.07.169N	..AC-CCA..	..AAAC-CC..
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	..T..	..AAAC-CC..
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	..T..	..AAAC-CC..
38.BF.UY.03.UY03_3389	..AA-C..	..AAAC-CC-CT..
39.BF.BR.04.04BFR1179	..AA-C..	..ACTAAATGGC-C-CA-A..
40.BF.BR.05.05BRRJ055	..ACCAAGGGGGG-G-CA-AC-AN..	..NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN..
42.BF.LU.03.LUBT_05_03	..AG-CC-AT..	..NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN..
43.026.SA.03.J11223	..AAT..	..GTT-AATGTA..
44.BF.CL.00.CH80	..AAT..	..AAT..
45.Cpx.FR.04.04FR.FR.AUK	..G..	..CCC-C..
46.BF.BR.07.07FB.FPS625	..G-C..	..G-C..
47.BF.ES.08.P1842	..G-GGA..	..GGCACAC-TAGAC-CA-CA..
48.01B.ID.97.07MYKT021	..ACTCT-C..	..GCAATAAACCAATTGACCAACCC-C-C..
49.cpx.GM.03.N26677	..GAT..	..ACAAATAGCACCAACCT-C-A-GT..
51.01B.SG.11.11SG.HM021	..GACC-C-AT..	..AAAAATAAA-C-T-CCTCT..
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	..A-TA-A..	..ACAAACATG-AC-CA-CT..
53.01B.MY.11.11FIR164	..GGC-G-A..	..ATAACC-G-CAC-CA-C..
54.01B.MY.09.09MSB023	..A-CA-TGAGGA..	..AAT..
55.01B.CN.10.HNC5102056	..T..	..AAT..
0.BE.87.ANT70	..T..	..AAT..
0.CM.91.MVP5180	..T..	..AAT..
0.CM.98.98CMA104	..T..	..AAT..
0.FR.92.VAU	..T..	..AAT..
0.SN.99.99SE.MP1299	..T..	..AAT..
0.US.10.LTNP	..T..	..AAT..
0.US.97.97US08692A	..T..	..AAT..
N.CM.02.DJ00131	..AC-ACTC..	..AAACGATAGCTCAATAAACCTATAAGC..
N.CM.04.04CM.1015_04	..ATGAG-AGA..	..AAACAGGAAATGGG-CAGACCTA..
N.CM.06.U14842	..RG-AGT-GA-AATGGGAAATTAGATA..	..GT-G-GA..
N.CM.95.YBF30	..GT-G-GA..	..TAACAGTAGCAGTAAAATGAGCACGGGACAAAT-GCCTAGACCTA..
N.CM.97.YBF106	..GAAAGGAAACATAACAAATATGACAAACAGG-ACAGAC-TA..	..AT-G..
N.FR.11.NI.FR.2011	..AT-G-C..	..AATAGGACAGGAGATCTA..
P.CM.06.U14788	..GC-A-..	..GACTGTACTAATACTCTCAGGGTTAAATAACAGC-CGGAC-C-C..
P.FR.09.RBF168	..T..	..GCTAGCTGTAATAACAGT-GCTCTC-GT..
CPZ.CD.06.BF1167	..GA-A..	..AACAAAAATAACAAAGTCAAAGAT..
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	..T..	..TCT-C..
CPZ.CM.06.SIVcpzTAN13	..CAC-ACCA..	..AACGTCAACTAGCACACAGAACCAACATCAAAGCC..
CPZ.US.85.US.Marilyn	..A-T..	..TGCCTG-..

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	ATAAGGAGTAAGGTGCGAAAGAATATGCATTTTATAAACTGTATAATACCAATAGATAAT	GAT	ACTACCAGC	TATAAGTTGACAAGTT	6811
Env	I R G K V Q K E Y A F F Y K L D I P I D N	D	T T S	Y K L T S C	
A1.AU.03.PS1044 Day0	C-----A-----AAA-----AT-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----D-----	-----	-----	-----	TA-A-T-A- 6052
A1.CH.03.HIV CH BID_V3538	C-----A-----AAA-----ATGCC-----C-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	-----	-----	-----	GAC-C-T-A- 6017
A1.ES.06.X2116	C-----G-----A-----CAA-----TG-----T-----C-----C-----G-----G-----T-----	-----	-----	-----	G-A-T-A- 6046
A1.IT.02.60009	C-----A-----ACAA-----A-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-A-T-A- 6849
A1.KE.06.06KEst_001	C-----G-----A-----AAA-----A-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	GATAACAAAGTAACTAATGGTACAAAGTGTGTT	-----	G-A-T-A- 6059
A1.RU.11.1IRU6950	C-----A-----AAA-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-A-T-A- 6017
A1.RW.07.prR463F	T-----G-----A-----G-----AGA-----G-----ATG-----T-----C-----C-----GG-----	-----	-----	-----	G-C-G-T-C- 6046
A1.SE.95.S8538	C-----G-----A-----AGA-----T-----AC-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-A-T-A- 6811
A1.TZ.01.A341	C-----G-----A-----AAA-----AC-----TT-----T-----C-----C-----G-----A-----	-----	-----	-----	G-A-T-A- 6037
A1.UA.01.01UADN139	C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----CT-----G-----	-----	-----	-----	GAC-A-T-A- 6003
A1.UG.07.p191845	T-----G-----A-----AAA-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----	G-A-T-A- 6880
A1.ZA.04.04ZASK162B1	C-----A-----A-----AG-----A-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----	TAC-A-T-A- 6267
A2.CD.97.97CDK1B48	C-----A-----AAC-----A-----TC-----T-----C-----G-----G-----A-----TA-----G-----	-----	-----	-----	GAC-A-T-C- 6139
A2.CM.01.01CM.1445MV	C-----A-----ACA-----G-----TC-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----	-----	-----	-----	GAC-A-T-A- 6004
A2.CY.94.94CY017_41	C-----A-----A-----ACA-----G-----TT-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----	-----	-----	-----	GAC-A-T-A- 6192
B.AR.04.04AR14317	-----G-----AAC-----A-----AG-----GG-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----	T-----T----- 5993
B.AU.04.PS1038 Day174	-----A-----A-----TAT-----T-----C-----G-----GC-----A-----GR-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6017
B.BR.06.DEMB001	-----A-----ACA-----A-----G-----CG-----A-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-C-A-T-C- 6173
B.CA.07.502_1191_03	-----G-----AA-----A-----GA-----T-----T-----C-----A-----GG-----	-----	-----	-----	C-----G----- 6215
B.CH.04.HIV CH BID_V4408	-----G-----AA-----A-----G-----T-----G-----C-----C-----GG-----	-----	-----	-----	AC-----C----- 6273
B.CN.10.DEMB10CN002	-----G-----AC-----ATG-----T-----C-----G-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	A-----G----- 6042
B.CO.01.PCM001	-----G-----A-----A-----A-----C-----AC-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	TA-----G----- 6199
B.CU.99.Cu19	-----A-----G-----AG-----AC-----C-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	GA-----G----- 5997
B.CY.09.CY266	-----C-----A-----AAA-----T-----C-----C-----G-----A-----	-----	-----	-----	GC-----RG----- 6387
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	-----CA-----A-----AA-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	A-----G----- 6024
B.DK.07.PMV1 011	-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----TC-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----	A-----T----- 6090
B.DO.05.05DO_160884	GG-----G-----CA-----G-----AGA-----C-----G-----G-----GA-----G-----	-----	-----	-----	A-----T----- 6247
B.ES.09.P2149_3	GG-----G-----A-----AG-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----GG-----GTAGCC-----	-----	-----	-----	GA-----T----- 6003
B.FR.08.DEMB08FR002	C-----C-----AC-----A-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6233
B.GE.03.03GEM2004	-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6214
B.IJ.05.05IJM_KJ108	-----CT-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	A-----T----- 6018
B.JP.05.DR6538	-----C-----AT-----AG-----A-----G-----A-----G-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6033
B.KR.07.07KYV4	-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	AC-----C----- 6850
B.NL.09.671_00T36	-----A-----AA-----AGA-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	A-----G----- 6473
B.PE.07.502_2649_w08	TC-----A-----A-----G-----CG-----A-----G-----G-----G-----AA-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6384
B.PY.03.03PY_PSP0115	TC-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----G-----GG-----A-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6256
B.RU.11.11RU21n	-----G-----A-----A-----GGG-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	A-----T----- 6015
B.TH.07.AA040a_WG11	-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6351
B.TT.01.01TT_CRC5069	-----A-----AC-----A-----A-----A-----C-----T-----C-----TA-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6147
B.TW.94.TWCY_LM49	-----A-----AC-----A-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----	GA-----T----- 6033
B.UA.01.01UAKV167	-----C-----AA-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6799
B.US.01.ES38	-----G-----AA-----G-----AA-----A-----G-----T-----C-----G-----A-----	-----	-----	-----	A-----A----- 6075
B.UY.02.02UY_TSU1290	TC-----GA-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----	TGG-----AT----- 6754
B.VI.10.01DEMB10IVE001	-----G-----AA-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----G-----T-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6000
B.YE.02.02YE507	-----A-----A-----A-----GG-----C-----C-----A-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	TA-----AGGC-----A----- 6183
C.AR.01.AR4086	-----A-----A-----AC-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----C-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6048
C.CT.07.DEMB07BR003	-----C-----A-----AA-----G-----T-----C-----C-----G-----R-----G-----	-----	-----	-----	GAT-----G----- 6008
C.CW.00.00WV6261	-----G-----A-----A-----AA-----G-----T-----C-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	GAT-----G----- 6266
C.CN.08.YNRL9840	-----G-----A-----G-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	AATT-----C----- 6164
C.CY.09.CY268	-----G-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	AATT-----C----- 6024
C.ES.07.X2118_2	-----G-----A-----AAA-----G-----T-----CAC-----C-----C-----G-----	-----	-----	-----	AATT-----G----- 6067
C.ET.02.02ET_288	-----G-----A-----AAC-----A-----C-----C-----C-----CG-----G-----	-----	-----	-----	GAAT-----CAGG----- 6217
C.GE.03.03GEM2033	-----T-----A-----AAA-----C-----C-----GC-----C-----T-----G-----	-----	-----	-----	AGCT-----GATG----- 6058
C.IL.98.98IS002	-----G-----A-----A-----AA-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	ACTT-----GG----- 6030
C.IN.03.D24	-----C-----A-----AA-----A-----ATC-----G-----C-----A-----G-----	-----	-----	-----	AACT-----C----- 6154
C.KE.00.KER2010	-----C-----A-----CA-----A-----ATC-----G-----C-----A-----G-----	-----	-----	-----	TCT-----G----- 6885
C.MM.99.mIDU101_3	-----T-----A-----A-----G-----AA-----A-----TC-----TG-----C-----	-----	-----	-----	AAT-----G----- 6021
C.MW.93.93MW_965	-----T-----A-----A-----AA-----A-----C-----T-----G-----C-----	-----	-----	-----	TCT-----G----- 6200
C.SN.90.90SE_364	-----C-----T-----A-----AGAAG-----T-----C-----G-----C-----	-----	-----	-----	AACT-----GTGAA----- 6019
C.SO.89.89SM_145	-----C-----T-----A-----AA-----A-----TG-----C-----G-----C-----	-----	-----	-----	T-----C-----GTGAG----- 6001
C.TZ.02.02TZ	-----C-----AG-----A-----AA-----A-----G-----T-----C-----G-----	-----	-----	-----	AACCT-----GG----- 6046
C.UV.00.00UUC_MSC3018	-----C-----A-----AA-----A-----G-----T-----C-----C-----G-----	-----	-----	-----	AACCT-----GG----- 607
C.UV.01.TRA3011	-----C-----A-----AA-----A-----G-----T-----C-----C-----G-----	-----	-----	-----	AACCT-----GTGAG----- 6061
C.YE.02.02YE511	-----C-----G-----A-----AA-----G-----T-----C-----C-----G-----	-----	-----	-----	AACCT-----GTGAG----- 5994
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-----C-----G-----A-----ACA-----T-----G-----C-----G-----	-----	-----	-----	AACCT-----GTGAG----- 6009
C.ZM.02.02ZM108	-----C-----A-----AAAA-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----	-----	-----	-----	AATG-----GTGAG----- 6167
D.CD.83.ELI	-----C-----A-----A-----AA-----A-----C-----T-----C-----G-----	-----	-----	-----	ACTC-----C----- 6845
D.CM.10.01DEM10CM009	-----T-----CA-----A-----AA-----A-----A-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	AAT-----G----- 6485
D.CY.06.CY163	-----T-----CA-----A-----AA-----A-----C-----T-----C-----G-----	-----	-----	-----	AAT-----G----- 6359
D.DK.97.5ML145_2	-----G-----A-----G-----G-----AA-----G-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	AAT-----G----- 6170
D.DR.04.04KBH8	-----G-----A-----G-----G-----G-----AA-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	AAT-----G----- 6030
D.SN.90.5E365	-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----AA-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6885
D.TD.99.MN011	-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----AA-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6020
D.TZ.01.A280	-----T-----A-----A-----AA-----A-----C-----T-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6019
D.UG.08.p191859	-----T-----A-----A-----CAA-----A-----T-----AC-----T-----C-----	-----	-----	-----	G-----T----- 6825
D.YE.02.02YE516	-----G-----G-----A-----CAA-----C-----C-----G-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----T----- 5997
D.ZA.99.R1	-----G-----G-----A-----AA-----A-----G-----C-----C-----G-----	-----	-----	-----	AAT-----AG----- 6177
F1.AO.06.AA_06_ANG125	-----G-----A-----A-----AA-----A-----GT-----T-----C-----C-----	-----	-----	-----	ACA-----AG----- 5895
F1.AR.02.ARE933	-----G-----A-----AA-----A-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----C-----A----- 6108
F1.BE.93.V1850	-----G-----A-----AA-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	GC-----GT----- 6133
F1.BR.07.07BR844	-----G-----A-----AA-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	TA-----GA----- 6610
F1.CS.08.08CS	-----G-----A-----AA-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	GC-----GT----- 6010
F1.FI.07.DEMF110E5001	-----G-----A-----AA-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	GA-----GTGAA----- 6149
F1.FI.93.FIN9363	-----G-----A-----AA-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	GGGGAGAGA----- 6152
F1.FR.96.96FR_MP411	-----G-----A-----AC-----AA-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----GTG----- 6020
F1.RO.96.BCI_R07	-----G-----A-----AC-----AA-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	ACT-----GGGGAA----- 6889
F1.RU.08.D88_845	-----G-----A-----ACAA-----C-----ATGGG-----A-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	R-----AGAG----- 6300
F2.CM.10.DEMF210CM007	-----G-----A-----AA-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----A-----T----- 6159
F2.CM.97.CM53657	-----G-----A-----AA-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	G-----C-----ACT----- 6006
G.BE.96.DRCBL	-----C-----G-----A-----AA-----G-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	AGCA-----GTGAA----- 6777
G.CM.10.DEMG10CM008	-----C-----G-----A-----AA-----G-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	AAT-----G-----CT----- 6201
G.CN.08.GX_2084_08	-----C-----G-----A-----AA-----A-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	AAT-----G-----AT----- 6068
G.CU.99.Cu74	-----C-----G-----A-----AA-----A-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	AGT-----G-----CC----- 6445
G.ES.09.X2634_2	-----C-----G-----A-----AA-----A-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	AATTA-----GT----- 6324
G.GH.03.03GH175G	-----C-----G-----A-----AA-----A-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	ACTTA-----GT----- 6893
G.KE.93.HH8793_12_1	-----C-----G-----A-----AA-----A-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	AATTA-----GT----- 6223
G.NG.09.09NG_SC62	-----C-----G-----A-----AA-----A-----C-----C-----G-----G-----	-----	-----	-----	AACAA-----G-----GTGAG----- 6020

B.FR.83.HXB2	ATAAGGAGTAAGGTGCGAAAAGAATATGCATTTTATAAACTTGATAATAACCAATAGATAAT	GAT	.ACTACCAGC.....TATAAGTTGACAAGTT	6811
Env	T R G K V Q K E Y A F F Y K L D I P I D N	D	T T S Y K L T S C	
G.PT.X.PT3306	T-G-A-CA-A-C-G-C-G-A-T-A-G-G-A-T-G-A-T-G-	G	AGT-A-AT-T-G-C-A-T-A	6775
G.SE.93.SE6165_G6165	-----A-AAA-C-G-C-G-G-G-A-T-G-G-	-	-----G-C-A-T-C-A	6235
H.BE.93.VI991	-----A-AAC-G-T-C-C-G-C-G-C-G-G-A-G-T-G-A	-	-----G-C-A-T-A	
H.BE.93.VI997	-----A-AAC-G-T-C-C-G-C-G-C-G-G-A-G-T-G-A	-	-----G-C-A-T-A	6210
H.CF.90.056	-----A-AAC-G-T-C-C-G-C-G-C-G-G-A-G-T-G-A	-	-----G-C-A-T-A	6143
H.GB.00.000BAC4001	-----A-AAC-G-T-C-C-G-C-G-C-G-G-A-G-T-G-A	-	-----G-C-A-T-A	6142
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-----A-A-G-AG-A-G-C-C-G-A-G-T-G-T-T	-	-----G-C-A-T-A	6143
J.CM.94.04CMU1422	-----A-AACAG-G-C-C-G-C-G-A-G-T-G-T-T	-	-----G-C-A-T-A	6143
J.SE.93.SE9288_7887	-----A-AAG-A-C-G-C-G-C-G-A-G-T-G-T-G	-	-----G-C-A-T-A	6124
J.SE.94.SE9173_7022	-----A-AAG-A-C-G-C-G-C-G-A-G-T-T-G	-	-----G-C-A-T-A	6131
K.CD.97.97ZR.EQTB11	C-A-A-G-T-G-C-C-G-G-A-A-G-C-A	TC-GAAAATTAATCAA	TCTGAAT-TGAA.....G-G-C-A-T-A	6033
K.CM.96.96CM.MP535	-----A-A-G-A-C-G-C-G-G-C-T-A-G-C-G	-	-----G-C-A-T-A	6019
01.AE.AF.07.569N	C-A-A-G-C-T-C-G-G-T-A-G-G	-	-----G-G-A-T-A	6029
01.AE.CN.09.1119	C-GTC-A-A-G-G-TCC-G-G-G	-	-----G-G-A-T-A	6063
01.AE.HK.04.HK001	C-C-A-C-A-G-T-C-G-G-A-T-A	-	-----G-G-A-T-T-A	6187
01.AE.JP.X.DR8492	C-A-A-A-C-G-T-C-G-G-A-T-A	-	-----G-G-A-T-A	6861
01.AE.TH.04.TH04	C-A-A-C-G-T-C-G-G-A-T-A	-	-----G-G-A-T-A	6784
01.AE.TH.09.AA111a.WG11	T-A-A-G-A-C-G-T-C-C-G-G-A-T-A	-	-----G-G-A-T-A	6247
01.AE.TH.90.CM240	C-C-A-A-C-G-TCC-G-C-G-G-A-T-A	-	-----G-G-A-T-A	6391
01.AE.VN.98.98VNND15	C-A-A-C-A-G-TCC-G-C-G-G-A-T-A	-	-----G-G-A-T-A	6084
02.AG.CM.08.DE00208CM001	C-A-A-ACAA-G-TGGC-T-G-G	-	-----G-G-A-T-A	6245
02.AG.ES.06.P1261	C-C-A-AAG-ATGGC-T-G-G	-	-----G-G-A-T-A	6252
02.AG.FR.91.D1263	C-A-A-ACAA-TG-C-G-G	-	-----G-G-A-T-C-A	6192
02.AG.GH.03.03GH181AG	T-A-A-ACAA-ATG-C-G-G	-	-----G-G-A-T-A	6846
02.AG.LR.x.POCC44951	T-A-A-AAA-TG-G	GG-G	AGTAAAGGTAGTAAATAAGT-GTCAG	6794
02.AG.NG.IBN	G-G-A-AAA-GATGCC-G-G-G	A	-----G-G-A-T-A	6335
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	T-A-A-AAA-GATGCC-G-G-G	A	-----G-G-A-T-A	6004
02.AG.US.05.502.2696.FL01	C-A-A-AAA-C-G-G-G	A	-----G-G-A-T-A	6002
02.AG.UZ.02.02020683	G-G-A-A-G-A-A-TG-C-G-G	G	-----G-G-A-T-A	6009
03.AR.RU.97.RU9753_2	C-G-G-A-A-A-A-C-C-G-C-G-A	G	-----G-G-A-T-A	6199
04.CP.CY.94.040603_2	-----G-G-A-A-A-A-C-C-G-C-G-A	G	-----G-G-A-T-A	6214
05.DP.BE.V.VII310	G-AT-AC-AAA-T-T-C-C-G-C-G-C	G-CAG-G	-----G-G-A-T-A	6883
06.Cpx.AU.96.BFP90	-----G-A-A-CAA-G-C-T-G-C-G-C	G-G-T	-----G-G-A-T-A	6157
07.BC.CN.98.98BCN09	G-G-A-A-C-T-TG-C-G-C	G-G-T	-----G-G-A-T-A	6754
08.BC.CN.06.nx2	T-GA-A-G-AAG-GC-TG-C-G-C	G-C-TA-G	-----G-G-A-T-A	6010
09.cpx.GH.96.96GH2911	T-GA-A-ACAC-T-T-T-C-G-C	G-T-CA-GCA	-----G-G-A-T-A	6184
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	G-A-A-A-G-A-A-C-C-G-C	G-GG-A-A-G	-----G-G-A-T-A	6216
11.CP.CM.95.95CM.1816	-----G-A-A-C-A-C-G-C-C-G	G-G-C-A-G	-----G-G-A-T-A	6824
12.BF.AR.93.ARMA159	G-C-A-ACA-T-T-C-C-G-G	G-G-G	-----G-G-A-T-A	6233
13.CP.CM.96.96CM.1849	G-C-A-C-G-AGA-T-T-CT-C-C-G	G-GA-T-T-GGGA	-----G-G-A-T-A	6302
14.BG.ES.05.X1870	C-A-A-AA-C-G-C-G-C-G-C	G-C-A-G-C	-----G-G-A-G	6183
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	-----AC-A-C-C-C-C-G-C-G	G-GA-G	-----G-G-A-T-A	6070
16.AD.KR.99.97KR004	-----AC-A-C-C-C-C-G-C-G	G-G-A-C-TA-G	-----G-G-A-T-A	6119
17.BF.AR.99.AR0038	G-G-A-A-C-TA-T-C-G-C	G-WW-A	-----G-G-A-T-A	5955
18.Cpx.CU.99.CUT6	G-G-A-A-C-AT-T-C-G-C	G-T-TGGGG	-----G-G-A-T-A	6281
19.Cpx.CU.99.CUT7	C-A-AC-AAA-AC-AT-T-C-G-C	G-T-G	-----G-G-A-T-A	6012
20.BG.CU.99.CU103	-----AG-G-AAA-C-G-C-G-C-G	G-G-G-T-TA-G	-----G-G-A-T-A	6002
21.A2D.KE.99.KER2003	G-A-A-G-A-G-A-C-T-C-G-C	G-G-G-T-TA-G	-----G-G-A-T-A	6003
22.01A.CM.01.01CM.0001BBY	G-A-A-G-A-G-A-C-T-C-G-C	G-G-G-T-TA-G	-----G-G-A-T-A	6004
23.BG.CU.03.CB118	G-A-AAGAAC-G-G-T-T-C-C-GG	G-GG-TA-GGA	-----G-G-A-T-A	6281
24.BG.ES.08.X2456_2	T-CAG.AC.ACARA-C-GK-G-C	G-R-G-W-TAG-G	-----G-G-A-T-A	6301
25.cpx.CM.02.1918LE	T-A-A-AA-A-G-C-G-C	G-C-T-T-G	-----G-G-A-T-A	6028
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	C-A-A-CAAG-T-C-C-TC-G-C	G-T-GA-G	-----G-G-GGGAA	6814
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-----A-A-AA-TT-C-A-C-G-G-G	G-G-GA-A	-----G-G-A-T-A	6804
28.BF.BR.99.BREP12699	-----G-A-A-C-C-C-C-G-C	G-G-C	-----G-G-A-T-A	6185
29.BF.BR.01.BREP16704	-----G-A-A-C-A-A-A-C-C-C	G-T-C-GGG-A	-----G-G-A-T-A	6235
30.BF.BR.01.BREP1422	-----G-A-A-CAG-G-T-C-C-C	G-C-T-A-G	-----G-G-A-T-A	6279
31.BF.BR.01.BREP1422	-----G-A-A-CAG-G-T-C-C-C	G-T-GGG	-----G-G-A-T-A	6482
32.BF.BR.01.BREP1422	-----G-A-A-CAG-G-T-C-C-C	G-G-AGC-T-GA	-----G-G-A-T-A	6130
33.01B.ID.97.JKT189_C	-----G-A-A-C-G-GCC-C-C	G-G-A-T-G	-----G-G-A-T-A	6004
34.01B.TH.99.OUR2478P	-----G-A-A-C-G-GCC-C-C	G-G-A-T-TA-GG	-----G-G-A-T-A	6026
35.AD.AF.07.169N	-----G-A-A-AAA-G-G-T-C-GT-C-G	G-G-G-T-T-G-C	-----G-G-A-T-A	6023
36.Cpx.CM.00.00CMNYU830	-----G-A-A-AAA-A-T-T-C-C-G	G-G-T-G	-----G-G-A-T-A	6005
37.Cpx.CM.00.00CMNYU926	-----G-A-AC-AAA-A-T-T-C-C-G	G-G-T-G	-----G-G-A-T-A	6231
38.BF1.UY.03.UY03.3389	-----G-A-CA-TA-T-C-AT-C-C	G-G-T-T-G	-----G-G-A-T-A	6303
39.BF.BR.04.04BRRJ179	G-G-A-A-A-A-T-C-T-TC-GG	G-T-CAGC	-----G-G-C-A-T-A	6341
40.BF.BR.05.05BRRJ055	G-G-A-A-C-A-T-C-C-C-G	G-C-CA-GG	-----G-G-C-A-T-A	6351
42.BF.LU.03.LuBf.05.03	-----A-A-A-A-A-C-C-G-TC-G	G-G-A-T-T-GGG	-----G-G-C-T-A	6339
43.026.SA.03.J11223	T-A-A-AA-A-A-GA-C	G-G-T-T-GGG	-----G-G-C-A-T-A	6265
44.BF.CL.00.CH80	G-A-G-CG-T-T-A-C-A-G	G-G-A-CAGC	-----G-G-GAA	6276
45.Cpx.FR.04.04FR.AUK	C-A-AC-AAG-G-A-G-T-C-C	G-G-A-TAG-G-A	-----G-G-C-A-T-A	6776
46.BF.BR.07.07BFB.PFS625	-----G-A-G-A-T-C-T-C-C-G	G-G-G	-----G-G-C-A-T-A	6237
47.BF.BR.08.P1942	-----CG-GG-AACAA-C-G-TCC-C	G-G-G-A-T-ATCA	-----G-G-C-A-T-A	6237
48.01.MY.07.07MYKT021	-----C-A-CA-G-TCC-C-C	G-G-T-A	-----G-G-C-A-T-A	6061
49.cpx.GM.03.N26677	-----G-A-A-A-A-C-C-G-C	G-A-ACA	-----G-G-C-A-T-A	6250
51.01B.SG.11.11SG.HM021	-----G-A-A-C-A-G-GAGCC-C	G-G-T-GA	-----G-G-C-A-T-A	6023
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	-----C-CAG-A-G-AA-GATGCC-G-C	G-G-A-T-GA-G	-----G-G-C-A-T-A	6164
53.01B.MY.11.11FIR164	T-A-A-AM-G-C-C	G-G-GA-TA-G	-----G-C-T-A-K-A	6178
54.01B.MY.09.09MSB023	C-A-CA-A-AA-G-TCC-G-C	G-G-T-T-C	-----G-G-A-T-A	6231
55.01B.CN.10.HNC5102056	-----C-A-CA-G-TCC-C-C	G-G-T-T-G	-----G-G-A-T-A	6115
0.BE.87.ANT70	-----C-A-AC-AAA-G-A-C-C-G-TCA-G-TCA	-----G-GAAT	-----G-G-C-A-T-A	6846
0.CM.91.MVP5180	-----C-C-AC-AC-A-C-G-C-G-C-A-C-G	-----G-GAAT	-----G-G-C-A-T-A	6845
0.CM.98.98CMIA04	-----C-C-AC-AAAAG-A-C-G-TCA-G-TCA	-----G-GAAT	-----G-G-C-A-T-A	6302
0.FR.92.VAU	-----C-C-AC-AC-A-C-G-TCA-G-TCA	-----G-GAAT	-----G-G-C-A-T-A	6385
0.SN.99.99SE.MP1299	-----C-C-AC-AC-A-C-G-TCA-G-TCA	-----G-GAAT	-----G-G-C-A-T-A	6884
0.US.10.LTNP	-----G-C-A-AC-GAAA-G-A-GC-G-TCA-G	-----G-GAAT	-----G-G-C-A-T-A	6743
0.US.97.97US08692A	-----C-C-A-AC-AAA-G-A-G-C-TCA-GT-GCA-CT-GGATAG-G	-----G-GAAT	-----G-G-C-A-T-A	6306
N.CM.02.DJ00131	-----CAT-AC-AAA-A-C-CT-CT-TC-G-G-T-GAA	-----GGAT	-----G-G-C-A-T-A	6295
N.CM.04.04CM.1015_04	-----G-A-A-AAA-A-CT-CT-CT-C-G-C-G-G	-----AG-GACAGT	-----G-G-C-A-T-A	6288
N.CM.06.U14842	-----C-A-AAA-A-C-G-C-G-C-A-C-G-G	-----AA-K-S-MY-WR-CA	-----G-C-A-T-A	6314
N.CM.95.YBF30	-----C-C-A-AAA-A-C-G-TCA-G-TCA	-----C-GCC	-----G-C-A-T-A	6404
N.CM.97.YBF106	-----C-A-GAA-G-C-TT-CT-TC-G-G-TGAA	-----G-GACTGAC	-----G-C-A-T-A	6377
N.FR.11.NI.FR.2011	-----G-G-A-G-A-AAA-A-C-TT-CT-TC-G-G-TGAA	-----ACAGTCAT	-----G-C-A-T-AG	6198
P.CM.06.U14788	-----G-A-A-C-A-C-G-C-G-C-A-C-G-G	-----GAC	-----G-C-G-A-T-A	6324
P.FR.09.RBF168	-----T-G-A-A-AAA-GG-GC-GC-A-C-C-G-A-C-G-G	-----ACAGCAAAT	-----G-A-TT-A	6876
CPZ.CD.06.BF1167	-----T-T-A-C-A-AAA-C-GAT-T-G-C-G-G	-----GACAGTACT	-----T-T-A-C	6933
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-----C-A-AAAAGAC-TG-T-C-A-C-GTGGAG	-----C-G	-----T-G-C-T	6341
CPZ.CM.88.GAB1	-----T-A-A-AA-A-C-G-T-C-T-C-A-C-GGAA-G-G	-----GAGAC	-----G-A-TT-A	6872
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	-----T-T-G-A-G-AAA-CATT-C-T-T-C-A-C-GGGAA-G-G-T-GAA-GA-AGCC-G	-----GAGAC	-----G-A-TT-A	6485
CPZ.US.85.US.Marilyn	-----T-T-A-C-AAA-A-C-T-G-T-G-A-T-C-A-C-G-G-T	-----GAC	-----G-C-T-A	6855

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

V2 loop end

V2 loop end		TAACACCTAGTCATTACAGGCCGTCTCAAAGGTATCCTTGAGCCAATTCCCATACATTATTGTCGCCGGCTGGTTGGCATTCTAAATGATAATAAAGACGTTCAATGGAACAGGCCATGTACAATGTCAGCACAGTACAATGTAACATGGAAATTAGGC 6981
B.FR.83.HXB2	Env	N T S V I T Q A C P K V S F E P I H Y C A P A G F A I L K C N N K T F N G T G P C T N V S T V Q C T H G I R
G.PT.X.PT3306	G.SE.93.SS6165_G6165	-TGT---ACA---AG---T---G---A---C---T---T---A---A---A---GTG---GGG---A-AC---C---TAC---T---A---6945 -TGT---AC---C-A---T---A-T---C---T---AA---T---T---G---GGG---GA---A---T---A---T---A---6405
H.BE.93.VI991	H.CF.90.056	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---T---C---T---A---A---C---T---G---C---GGG---A-AA---T---C---6380 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---T---C---T---A---A---C---T---G---C---C---A-A---T---G---T---C---6313
H.GB.00.006BAC4001	J.CD.97.J.97DC.KTB147	C-T---G---A---A---A-T-C---G---A---T---C---T---A---A---C---T---G---C---C---A-A---T---G---T---C---6313 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---T---C---T---A---A---C---T---G---C---C---A-A---T---G---T---C---6313
J.CM.94.04CMU1422	J.SE.93.SE9288_7887	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---C---A---T---A---A---C---T---G---G---T-A---G---G---C-A---T---T---C---6193 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---C---A---T---A---A---C---T---G---G---G-AT---T---C---A---T---T---C---6519
J.SE.94.SE9173_7022	K.CD.97.97ZTR.EQTB11	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---C---A---T---A---A---C---T---G---G---AT---T---C---A---T---T---C---6294 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---C---A---T---A---A---C---T---G---G---AT---T---C---A---T---T---C---6301
K.CM.96.96CM.MP535	01.AE.AF.07.569N	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---A---G---A---T---T---C---6203 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---A-G---G---G---A---A---6189
01.AE.CN.09.1119	01.AE.HK.04.HK001	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---A---G---A---T---T---C---6199 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---A-AT---T---C---A---T---T---C---6233
01.AE.JP.x.DR8492	01.AE.TH.99.99TH	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---A-AA---G---G---G---AC---A---T---C---6357 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---G-AT---T---C---G---A---G---T---T---C---7031
01.AE.TH.99.AA111a_WG11	01.AE.TH.99.MC240	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6354 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---G-AT---T---C---G---A---G---T---T---C---6417
01.AE.VN.98.98VNND15	02.AG.ES.06.P1261	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---GG---AT---T---C---G---G---A---A---T---C---6417 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---GG---AT---T---C---G---G---G---A---A---T---C---6561
02.AG.FR.91.D1263	02.AG.GH.03.03GH181AG	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6561 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---G-GAT---G---G-A---C---AG---T---T---C---7016
02.AG.LR.x.POCC44951	02.AG.NG.IX.IBNX	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---GG---AGG---G---G---C---A---T---T---C---6505 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---GG---GAT---G---G-T---C---AG---T---T---C---6174
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	02.AG.US.06.562.2696.FL01	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---GGG---GAT---G---G-GAT---G---G---C---AC---T---T---C---6174 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---GGG---G---G---G---G---A---T---C---C---6192
02.AG.UZ.02.02020683	03.AB.RZ.97.97Z3	-T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6179 -T---G---A---A---A-T-C---G---A---A---T---C---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6369
04.CP.CY.94.04CM032_3	05.DP.BE.x.VII310	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---A---T---G---G---C---T---6384 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GGG---GAT---T---G---G---G---A---T---T---C---7053
06.Cpx.AU.96.BFP90	07.BC.CN.98.98CN09	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6327 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6924
08.BC.CN.06.nx2	09.cpx.GH.96.96GH2911	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GGG---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6180 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6354
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	11.cpx.CM.95.95CM.1816	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6386 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6403
12.BF.AR.99.ARMA159	13.cpx.CM.96.96CM.1849	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6403 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6403
14.BG.ES.05.X1870	15.01B.TH.99.99TH.MU2079	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6355 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GG-CCC-GAA---G---G---C---AG---T---T---T---C---6355
16.AD.KR.99.99THKR004	17.BF.AR.99.AR00338	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---C---AC---T---G---G---G---C---AC---T---T---C---6300 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---C---C---AC---T---T---T---G---T---G---G---A---T---T---C---6289
18.cpx.CU.99.CU76	19.cpx.CU.99.CU76	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6125 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6125
20.BG.CU.99.CU103	21.A2D.KE.99.KER2003	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GG---GA---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6145 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GG---GA---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6182
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY	23.BG.CU.03.CB118	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GG---GA---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6172 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GG---GA---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6172
24.BG.ES.02.X2456_2	25.cpx.CM.02.1918LE	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GG---GA---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6145 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GG---GA---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6198
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6974 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6355
28.BF.BR.99.BREPM12699	29.BF.BR.01.BREPM16704	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6407 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6449
31.BC.BR.04.04BFR1422	32.BF.BE.01.BE003659	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6552 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6300
33.01B.ID.97.JKT189	34.01B.TH.99.OUR2478P	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6174 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6196
35.AD.AF.07.169H	36.cpx.CM.00.00CMNYU1930	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6193 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---GAA---A---G---G---ACA---G---T---C---A---T---T---C---6175
37.cpx.CM.00.00CMNYU1926	38.BF.BR.03.UY.03.UY3389	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6175 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6401
39.BF.BR.04.04BRRIJ179	40.BF.BR.05.05BRRJ055	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6473 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6511
42.BF.LU.03.LUBT.05.03	43.026.SA.03.J11223	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6521 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6521
44.BF.CL.00.09.CB80	45.cpx.FR.04.04FR.AUK	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6509 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6435
46.BF.BR.07.07FB.PFS625	47.cpx.FR.08.P1942	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6405 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6407
48.01.MY.07.07MYKT021	49.cpx.GM.03.N26677	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6421 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6420
51.01B.SG.11.11SG.HM021	52.01B.MY.03.03MYKU018_1	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6193 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6334
53.01B.MY.11.11FIR164	54.01B.MY.09.09MSB023	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6348 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6401
55.01B.CN.10.HNC5102056	56.01B.CN.01.01CM.0001BBY	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6285 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6285
57.BE.87.ANT70	58.CM.91.MVP5180	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7016 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7016
59.CM.98.98CMA104	60.FR.92.VAU	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6472 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6472
61.SN.99.99SE.MP1299	62.US.10.LTNP	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6555 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6555
63.US.09.97US08692A	64.US.09.97US08692A	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7054 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6913
65.N.CM.02.DJ00131	66.N.CM.04.04CM.1015_04	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6476 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6476
67.N.CM.06.U14842	68.N.CM.95.YBF30	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6458 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6458
69.N.CM.97.YBF106	70.N.FR.11.N1.FR.2011	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6574 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6574
71.P.CM.06.U14788	72.P.FR.09.RFB168	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6547 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6547
73.CPZ.CD.06.BF1167	74.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6368 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6368
75.CPZ.CM.06.BF1167	76.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---6046
77.CPZ.CM.06.BF1167	78.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
79.CPZ.CM.06.BF1167	80.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
81.CPZ.CM.06.BF1167	82.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
83.CPZ.CM.06.BF1167	84.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
85.CPZ.CM.06.BF1167	86.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
87.CPZ.CM.06.BF1167	88.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
89.CPZ.CM.06.BF1167	90.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
91.CPZ.CM.06.BF1167	92.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
93.CPZ.CM.06.BF1167	94.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
95.CPZ.CM.06.BF1167	96.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
97.CPZ.CM.06.BF1167	98.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046
99.CPZ.CM.06.BF1167	100.CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046 -T---G---A---A---A-T-C---G---T---GG---T---T---A---A---A---T---G---G---G---G---G---G---G---G---G---A---T---T---C---7046

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

		V3 loop start
B.FR.83.HXB2	CAGTAGTATCAACTCAACTGCTGTTAATGGCAGTCAGCAGAAA...GAAGAGGTAGTAATTAGATCTGTCATTGCAATTCCAGGACAATGCTAAACCATAATAGTACAGCTAACATCT...	7136
Env	P_V_V_S_T_Q_L_L_N_G_S_L_A_E_E_E_V_V_I_R_S_V_N_F_T_D_N_A_K_T_I_I_V_Q_L_N_T_S_G_T_G_A_A_T_C_T_R_P_N_N_N_T_R...	
G.PT.x.PT3306	-T-C-T-G-A-A-C-G-T-T-G-A-A-A-G-G-A-A-C-T-AA-C-C-T-GT-A-A-C-G-T-A-T-A-C-A-G-A-A-C-G-C-A-C-G-G...	7106
G.SE.93.SE6156_G6165	-G-T-A-A-C-G-T-T-G-A-A-A-G-G-A-A-C-T-AA-C-C-T-GT-A-T-A-C-A-G-A-A-C-G-C-A-C-G-C-G-T-T-G...	6560
H.BE.93.VI991	-T-A-C-C-GT-G-G-A-A-A-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6538
H.BE.93.VI997	-T-A-C-C-GT-G-G-A-A-A-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6468
H.CF.90.056	-T-A-C-C-GT-G-G-A-A-A-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6467
H.GB.00.00GBAC4001	-T-A-C-C-GT-G-G-A-A-A-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6668
J.CD.97.J_97DC_KTB147	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6348
J.CM.94.04CMU1422	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6674
J.SE.93.SE9288_7887	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6449
J.SE.94.SE9173_7022	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6436
K.CD.97.97ZR_EQTB11	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6358
K.CM.96.96CM_MP535	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6344
01.AE.AF.07.569N	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6354
01.AE.CN.09.1119	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6388
01.AE.HK.04.HK001	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6512
01.AE.JP.x.DR8492	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7186
01.AE.TH.09.09_AA111a_WG11	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	659
01.AE.TH.09_AA111a_WG11	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6572
01.AE.VN.98.98VNND15	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6716
02.GM.CM.08.DE00208CM001	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6409
02.AG.ES.06.P1261	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6570
02.AG.FR.91.D1263	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6577
02.AG.GH.03.03GH181AG	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6517
02.AG.LR.x.POC44951	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7171
02.AG.NG.IBN	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6660
02.AG.SN.98.98SE_MP1211	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6329
02.AG.US.06.0562_2696_FL01	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6327
02.AG.UZ.02.02020683	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6347
03.AR.R9.97L53_2	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6324
04.DP.CX.04.0406032_3	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6324
05.DP.BE.VII310	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6339
06.Cpx.AU.96.BFP90	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7208
07.BC.CN.96.98CN09	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6482
08.BC.CN.06.nx2	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7079
09.cpx.GH.96.96GH2911	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6335
10.CD.TZ.96.96TZ_BF061	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6509
11.cpx.CM.95.95CM_1816	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6541
12.BF.AR.99.ARMA159	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7149
13.cpx.CM.96.96CM_1849	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6558
14.BG.ES.05.X1870	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6627
15.01B.TH.99.99TH_MU2079	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6508
16.AD.KR.99.97KR004	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6355
17.BF.AR.99.ARMA38	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6444
18.cpx.CU.99.CU76	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6280
19.cpx.CU.99.CU7	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6606
20.BG.CU.99.Cu103	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6337
21.A2D.KE.99.KER2003	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6327
22.01A.CM.01.01CM_0001BBY	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6606
23.BG.CU.03.CB118	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6606
24.BG.ES.08.X2456_2	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6626
25.cpx.CM.02.1918LE	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6353
26.AU.CD.02.02CD_MB7B047	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7139
27.cpx.FR.04.04CD.FR_KZS	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7129
28.BF.BR.99.BREPM12699	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6510
29.BF.BR.01.BREPM16704	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6557
31.BC.BR.04.04BR0142	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6604
32.BE.EF.01.01EF0159	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6807
33.01B.ID.97.JKT189_C	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6455
34.01B.TH.99.OUR2478P	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6329
35.AD.AF.07.169N	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6351
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6348
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6330
38.BF.BR.01.UY03.YU3389	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6556
39.BF.BR.04.04BRJ179	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6628
40.BF.BR.05.05BRRJ055	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6666
42.BF.LU.03.LuBF_05_03	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6676
43.026.SA.03.JI1223	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	R-6664
44.BF.CL.09.CH80	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	650
45.cpx.FR.04.04FR_AUK	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7101
46.BF.BR.07.07FB_FPS625	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6560
47.BF.EU.08.P1842	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6562
48.01B.MY.07.07MYKT021	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6386
49.cpx.GM.03.N26677	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6575
51.01B.SG.11.11SG.HM021	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6348
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6489
53.01B.MY.11.11FIR164	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6503
54.01B.MY.09.09MYSB023	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6556
55.01B.CN.10.HNC5102056	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6440
0.BE.87.ANT70	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7168
0.CM.91.MVP5180	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7170
0.CM.98.98CMIA04	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6627
0.FR.92.VAU	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6710
0.SN.99.99SE MP1299	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7209
0.US.10.LTNP	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	7065
0.US.97.97US08692A	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	6631
N.CM.02.DJ00131	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
N.CM.04.04CM_1015_04	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
N.CM.06.U14842	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
N.CM.95.YBF30	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
N.CM.97.YBF106	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
N.FR.11.NI.FR_2011	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
P.CM.06.U14788	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
P.FR.09.RFB168	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
CPZ.DC.06.BF1167	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
CPZ.GA.88.GABV1	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	
CPZ.US.85.US_Marilyn	-G-G-A-A-C-T-A-C-G-A-A-A-C-G-C-A-C-A-G-A-A-A-C-T-A-C-A-G-C-G-C-A-C-G-C-A-G-T-T-G...	

B.FR.83.HXB2	V3 loop end
Env	AAAAGAATCCGTATCCAGAGAGGACCA.....GGGAGAGCATTGTTACA.....ATAGGA.....AAAATA.....GGAATATGAGAACAGCACATTGAACTTAGAGAAAATGGAATAACCTTAAACAGATAGCTGCAAATTAGAGAACAA.....7280
A1.AU.03.PS1044 Day0	K R I R I Q R G P G R A F V T I G . K I . G N M R Q A H C N I S R A K W N T L K O I A S K L R E Q .
A1.CH.03.HIV.CH.BID_V3538	-TG-A-A-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAA-T-C-.....GG-C-T-A-A-G-G-TGG-C-A-A-A-G-G-A-G-T-TCAC-.....AC-T-C-.
A1.ES.06.X2116	-TG-G-A-A-.....ACA-G-CTA-G-C-AGAC-T-C-.....GG-C-A-A-G-G-G-C-AC-.....G-A-C-G-C-CAC-.....6518
A1.IT.06.06KEst_001	-C-TG-A-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-C-.....GG-C-A-N-T-TTG-C-C-A-G-T-G-G-TGG-C-A-A-G-G-C-G-G-A-GAC-.....6483
A1.RU.11.1IRU6950	-G-T-A-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGATGT-Y-.....GG-C-A-AG-T-TG-C-C-A-G-T-G-G-C-C-A-AG-CAC-.....6512
A1.RW.07.pr463F	-TGAA-.....ACA-G-CTA-G-C-AATGCC-T-.....GG-A-GA-TG-C-C-A-G-T-G-G-C-G-G-A-GAC-.....7312
A1.SE.95.S8538	-C-A-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAAAGT-.....GG-A-A-TG-C-C-A-G-T-G-G-C-C-A-AG-CAC-.....6822
A1.TZ.01.A341	-TTA-A-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAA-T-G-CCC-C-.....GG-A-A-TG-CTC-A-T-G-C-C-G-G-G-G-A-GAC-.....6503
A1.UA.01.01UADN139	-C-T-A-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAA-T-G-GG-A-G-.....TG-C-C-T-GC-C-A-AG-TAC-.....A-T-C-.
A1.UG.07.p191845	-TG-G-A-A-.....ACA-T-CT-G-C-GGAG-T-.....GG-A-A-TG-CTC-A-T-G-C-C-G-G-G-G-A-GAC-.....6466
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-T-A-A-A-.....ACA-A-CTA-G-C-CGAC-TC-T-.....GG-A-A-TG-C-C-A-A-GG-G-T-AGT-C-GC-G-G-T-A-A-.....7346
A2.CD.97.97LDR1848	-T-A-C-T-.....ACAG-C-CTA-G-A1AAATAAC-.....GG-A-A-TG-C-C-A-G-G-G-G-A-GAC-.....6732
A2.CM.01.01CM1445MV	-T-A-C-T-.....ACAG-C-CTA-G-ATAATAAA-.....GG-A-A-TG-C-C-A-G-C-GTT-C-A-G-T-AAC-CACAGC-C-.
A2.CY.94.94CY017_41	-T-A-C-T-.....ACAG-C-CTA-G-C-AATGAA-.....GG-C-A-TG-C-C-A-C-A-TT-G-G-C-A-GAC-.....6658
B.AR.04.04AR143170	-T-A-A-G-.....TGG-A-.....GAT-T-G-A-.....G-A-T-G-C-A-G-A-T-TA-G-.....G-A-T-TA-G-T-.
B.AU.04.PS1038.Day174	-A-RG-A-.....GTA-G-G-G-A-G-RR-A-.....G-A-G-T-TC-G-C-G-C-GC-AG-G-T-TA-G-.
B.BR.06.06MB100061	-G-T-A-A-G-.....TA-G-C-G-A-G-A-.....G-A-T-AG-C-C-A-T-G-G-G-A-G-T-TA-G-.
B.CA.07.502_1191_03	-T-ATCCT-A-.....G-A-T-A-A-.....GAA-T-C-GGATRT-.....G-A-T-C-C-C-G-G-A-G-T-TA-G-.
B.CH.04.HIV.CH.BID_V4408	-T-A-A-A-.....GAA-T-CTA-G-C-GAT-T-.....G-C-G-C-G-A-C-A-G-A-T-TA-A-.....A-T-.
B.CN.10.DEMB10CN002	-G-ATC-C-A-.....AG-G-T-TA-G-C-GAT-T-.....G-A-T-G-C-G-G-G-A-G-G-G-A-.....6511
B.CO.01.PCM001	-G-T-A-A-C-A-.....A-CTA-G-TC-G-CAC-T-G-.....G-A-A-G-AG-G-T-TG-C-A-G-.....6665
B.CU.99.Cu19	-G-T-A-A-A-.....G-TA-G-G-C-GAAGA-T-.....G-A-T-G-G-G-A-G-G-G-A-T-GCA-.....6463
B.CY.09.CY266	-G-T AAA-A-.....G-TA-G-G-C-GAT-T-.....G-A-T-TT-AG-G-C-G-G-A-G-T-TA-G-.
B.DE.04.HIV.DE.BID_V4131	C-C-A-C-A-A-.....GAT-G-CAC-AAG-T-.....G-A-A-A-T-TT-C-C-GA-G-A-G-T-TT-AA-G-.....6558
B.DK.07.PMV1 011	G-T-T-T-.....GAT-G-CAC-AAG-T-.....G-A-A-A-T-TT-C-C-GA-G-A-G-T-TT-AA-G-.
B.DO.05.050D_160884	-G-T-T-A-A-A-.....GAT-G-CAC-AAG-T-.....G-A-A-G-A-T-TT-C-C-GA-G-A-G-T-TT-AA-G-.
B.ES.09.P2149_3	-G-T-A-A-A-.....GAT-G-CAC-GAA-T-.....G-A-A-G-A-T-TT-C-C-GA-G-A-G-T-TT-AA-G-.
B.FR.08.DEMB08FR002	-G-T-AAC-G-.....A-T-TA-G-C-AATGAA-.....G-A-G-T-C-ACGA-A-G-C-G-GAG-TA-G-.
B.GE.03.03GEM2004	-G-T-ATC-A-.....TA-G-C-G-A-G-T-.....G-A-A-G-G-T-G-G-G-A-G-G-G-A-.....6513
B.IB.07.07LDR129389	-G-T-A-A-A-.....GAA-T-CTA-G-C-GATC-T-.....G-A-G-T-TG-C-C-G-C-G-G-A-G-T-TA-G-.
B.JM.07.07LDR101_K108	-C-TG-A-A-.....GAA-T-CTA-G-C-GATC-T-.....G-A-G-T-TG-C-C-G-C-G-G-A-G-T-TA-G-.
B.JP.05.DR6538	-GG-ATTCG-.....GAAAGA-A-C-A-T-GA-.....G-C-A-A-G-A-T-CAC-A-A-A-C-C-G-G-A-GA-.
B.KR.07.07KY44	-TT-T-A-C-A-.....G-TA-G-G-C-AAAC-T-GA-.....G-A-T-C-C-C-G-G-G-C-G-C-TA-G-.
B.NL.00.671_00T36	-T-A-A-A-.....G-TA-G-G-C-GAA-T-.....G-A-T-G-G-G-C-G-G-C-TA-G-.
B.PE.07.502_2649_w08	-G-T-A-A-Q-A-G-.....A-ATA-G-C-GAA-T-.....G-A-A-T-T-C-A-C-A-T-C-C-G-C-A-G-.
B.PY.03.03PY_PSP0115	-G-T-A-A-A-.....A-GT-GG-C-GAA-T-.....G-A-A-T-T-C-A-C-A-T-C-C-G-C-A-G-.
B.RU.07.11RU21n	-G-T-T-A-G-.....A-GT-GG-C-GAA-T-.....G-A-A-T-T-C-A-C-A-T-C-C-G-C-A-G-.
B.TH.07.AA040a.WG11	-G-T-A-C-C-A-.....A-GT-GG-C-GAA-T-.....G-A-A-T-T-C-A-C-A-T-C-C-G-C-A-G-.
B.TT.94.01.01TT_CRC50069	-G-TG-A-A-A-.....T-T-TA-C-.....G-G-A-GA-T-.....G-A-G-A-T-G-C-C-G-T-GAG-G-.
B.TW.94.TWCYS_LM49	-G-T-G-A-A-.....T-T-TA-C-.....G-G-A-GA-T-.....G-C-A-G-G-G-C-C-T-AA-T-T-.
B.UA.01.01UAKV167	-G-T-A-C-A-.....AG-GA-T-T-G-C-G-C-T-T-.....G-C-C-G-C-G-A-T-TA-G-.
B.US.02.ES38	-C-T-A-A-A-G-.....TA-G-CG-G-AGC-T-.....G-C-A-G-G-G-AGG-A-T-T-TG-GA-.
B.UY.02.0208_TSU1290	-T-A-C-A-C-.....G-TA-G-G-C-GAA-T-.....G-A-A-T-A-A-C-G-C-A-T-TA-G-.
B.VI.10.02DEM10IVE001	-G-T-A-A-C-G-.....C-GAA-T-.....G-A-A-T-A-A-C-G-C-A-T-TA-G-.
B.YE.02.02YE507	-G-T-A-A-G-.....C-GAA-T-.....G-A-A-T-T-T-C-A-C-G-C-A-T-TA-G-.
C.AR.01.AR4086	G-T-AA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-T-C-A-G-C-C-TG-AT-AG-AA-.
C.BR.07.DEM07BR003	-G-T-G-A-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-G-C-A-G-C-CAGAG-G-A-G-G-TG-C-.
C.BW.00.00WV6621	-G-TG-GA-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-C-GAAT-.....G-A-T-G-C-G-C-G-G-G-A-G-.
C.CN.08.YNRL9840	-G-T-GA-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAAGT-.....G-A-G-G-C-C-G-C-G-A-G-G-A-GA-.
C.CY.09.CY268	-G-T-GA-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-G-C-G-A-G-G-A-GA-.
C.ES.67.X2118_2	-T-TAA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-G-C-G-A-GG-AA-.
C.ET.02.02ET_288	C-T-AA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-G-C-G-A-T-TG-AAGGAA-G-.
C.GE.03.03GEM2033	C-T-AA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-G-C-G-A-G-A-T-C-.
C.IL.98.98IS002	T-GA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-G-C-G-A-GG-G-T-GAA-.
C.IN.03.D24	-G-T-AA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-G-C-G-A-GG-AA-.
C.KE.00.KER2010	-TG-AA-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAA-T-.....G-C-C-A-A-A-T-T-A-AG-T-C-.
C.MM.99.mIDU101_3	T-AA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAA-T-.....G-C-G-C-G-C-ATT-T-A-C-G-G-G-A-G-A-.
C.MW.93.93MW_965	TG-GA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GCC-T-.....G-A-G-G-C-C-ATT-T-A-C-G-G-G-A-G-A-.
C.SN.90.90SE_364	T-GA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-ATT-T-A-C-G-A-G-AAAG-A-.
C.SO.89.89SM_145	T-GA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-ATT-T-A-C-G-A-G-GA-.
C.TZ.02.0207_507	C-T-AA-G-A-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-ATT-T-A-C-G-A-G-GA-.
C.ZD.00.00WV6618	C-GAA-T-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-ATT-T-A-C-G-A-G-GA-.
C.ZU.00.00WV6618	C-GAA-T-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-ATT-T-A-C-G-A-G-GA-.
C.ZY.00.00WV6618	C-GAA-T-.....ACA-A-CTA-G-C-GAT-T-.....G-A-G-G-C-C-ATT-T-A-C-G-A-G-GA-.
D.CD.83.ELI	C-C-A-C-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.CM.10.01DEM10CM009	-GC-T-T-A-A-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.CY.06.CY163	G-C-T-T-A-A-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.KE.97.ML415_2	-G-C-T-T-A-A-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.KR.04.04KBH8	CG-G-T-A-A-A-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.SN.90.SE365	-G-TG-A-A-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.TD.99.MN011	-G-TG-A-A-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.TZ.01.A280	-G-T-G-A-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.UG.08.p191859	-G-T-G-A-C-A-C-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.YE.02.02YE516	C-G-T-T-A-A-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
D.ZA.00.R1	C-T-AT-CA-AA-A-.....GATC-T-TC-TA-AG-T-.....G-A-G-G-C-C-T-A-G-A-GAA-.
F1.A0.06.A0_06.ANG125	T-A-A-G-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAC-T-.....G-A-A-A-G-C-C-A-A-C-TG-G-CG-AA-G-GGAGACTT-T-.
F1.AR.02.ARE933	T-A-ATC-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAGT-.....G-A-A-G-G-TG-ATGC-.....CA-GC-G-G-G-AAGGCA-.
F1.BE.93.V1850	-G-T-A-A-T-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
F1.BR.07.07BR844	-G-TG-A-A-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
F1.CI.08.08CI001	-T-A-A-T-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
F1.ES.07.07E05001	-T-TCC-G-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
F1.FI.93.FIN9363	-T-A-A-C-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
F1.FR.96.BCF1R07	-T-A-A-T-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
F1.RO.06.DEMF210CM007	-G-T-ATA-T-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
F2.CM.97.CM53657	-GG-TG-A-AGC-T-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
G.BE.96.DRCB	-G-T-GAGCA-T-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
G.CM.10.01DEM10CM008	-C-TGAGA-T-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
G.CN.08.GX_2084_08	-T-TAA-G-A-T-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
G.CU.99.Cu74	-T-A-A-T-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
G.ES.09.X2634_2	-T-AACAT-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
G.GH.03.03GH175G	-G-T-TAA-AT-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-A-A-G-G-G-G-TG-TG-AAGGCA-.
G.KE.93.HH8793_12_1	-T-A-ACC-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-G-C-TGAT-.....G-C-G-C-G-C-G-AAGGCA-.
G.NG.09.09NG_SC62	-G-T-TAA-A-.....ACA-A-CTA-G-C-TGAT-.....G-C-G-C-TGAT-.....G-C-G-C-G-C-G-AAGGCA-.

V3 loop end	
B.FR.83.HXB2	AAAAAGATCCGTATCCAGAGGAGGACCA.....GGGAGAGCATTGTTACA.....ATAGGA.....AAAATA.....GGAATATGAGACAAGCACATTGAACTTAGTAGAGCAAATGGATAAACCTTTAAACAGATAGCTGCAATTAGAGAACAA..
Env	K R I R I O R G P G R A F V T I G K I G N M R Q A H C N I S R A K W N T L K O I A S K L R E Q
G.PT.X.PT3306	-G-T-AA-CT-C-ACA-G-CTA-G-C-TGAT-T-G-A-C-T-G-C-A-TG-C-A-T-G-A-GC-C-T-T-TGTA-G-C-GA-TG-A-GCA-C-C-ATC
G.SE.93.SE615_G6165	-G-G-A-A-GGA-TT-ACA-G-CTA-G-C-TGCC-T-CTA-G-C-G-A-TG-G-C-T-GA-H-C-GAG-C-G-GA-ATC
H.BE.93.VI991	T-A-A-A-G-ACA-G-CTA-G-C-TGAC-TC-G-A-G-T-T-G-AA-C-G-G-C-CA-G-ATC-C-G-GCT-C-ATC
H.BE.93.VI997	-G-T-AA-T-A-G-ACA-G-CTA-G-C-TGAT-TC-G-C-A-TG-G-A-G-AG-T-G-AA-C-G-C-CA-G-T-CAC-G-AT-C
H.CF.90.056	-C-T-A-A-T-A-G-ACA-G-CTA-G-C-TGAC-TC-G-A-G-T-T-G-AA-C-G-C-CA-G-ATC-C-G-GCT-C-ATC
H.GB.00.006BAC4001	-G-T-A-A-A-G-ACA-G-CTA-G-C-TGAACT-G-C-A-G-T-G-G-A-G-T-C-GA-AG-G-T-G-C-GA-TG-C-G-AT-C
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-GG-T-A-CC-A-G-ACA-TGCA-G-C-TGAGT-G-G-A-A-G-T-C-TG-C-A-G-C-G-GAGT-GG-TACAG-GCA-C-G-T-T
J.CM.94.04CMU1422	-GG-T-A-AC-G-ACA-TGCA-G-C-TGAGT-G-G-A-A-G-T-C-TG-C-A-G-C-G-GAGT-GG-TACAG-GCA-C-G-T-T
J.SE.93.SE9288_7887	-G-T-A-AC-G-ACA-TGCA-G-C-TGAGT-G-G-A-A-G-T-C-TG-C-A-G-C-G-GAGT-GG-TACAG-GCA-C-G-T-T
J.SE.94.SE9173_7022	-G-T-A-AC-G-ACA-TGCA-G-C-TGAGT-G-G-A-A-G-T-C-TG-C-A-G-C-G-GAGT-GG-TACAG-GCA-C-G-T-T
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-----T-A-A-G-CTA-G-C-TGAC-T-G-A-G-G-G-C-G-A-G-A-A-G-A-G-C-LIGLAGAG-AAGGAA-GC-A-A-C-G-AG-A-A-G-C-6499
K.CM.96.96CM.MP535	-----T-A-A-G-CTA-G-C-TGAT-G-G-A-G-G-C-G-A-G-A-A-G-A-G-C-LIGLAGAG-AAGGAA-GC-A-A-C-G-AG-A-A-G-C-6485
01.AE.AF.07.569N	-C-TG-A-A-A-ACA-TG-GG-C-GAC-T-G-C-G-A-G-A-G-C-G-A-G-A-A-G-A-G-C-6495
01.AE.CN.09.1119	-C-T-T-AAA-A-ACA-TG-GG-C-GAC-T-G-C-G-A-G-A-G-C-G-A-G-A-A-G-A-G-C-6529
01.AE.HK.04.HK001	G-TG-G-C-A-ACA-TG-GG-C-GAA-T-G-C-G-A-G-A-G-C-G-A-G-A-A-G-A-G-C-6653
01.AE.JP.X.DR8492	-C-T-CATC-A-A-ACA-TG-GG-C-GAC-T-G-C-G-A-G-A-G-C-G-A-G-A-A-G-A-G-C-7327
01.AE.JP.X.DR8493	-C-T-CATC-A-A-ACA-TG-GG-C-GAA-T-G-C-G-A-G-A-G-C-G-A-G-A-A-G-A-G-C-6713
01.AE.TH.09.AA111a.WG11	-C-T-A-A-A-ACA-TG-GG-C-GAA-T-G-C-G-A-G-A-G-C-G-A-G-A-A-G-A-G-C-6857
01.AE.TH.09.CM240	-C-T-AAC-A-ACA-TG-GG-C-GAA-T-G-C-G-A-G-A-G-C-G-A-G-A-C-G-A-G-C-6550
01.AE.VN.98.VBNVND15	-T-G-G-GAC-G-ACA-TG-GG-C-GAA-T-G-C-G-A-G-A-G-C-G-A-G-A-C-G-A-G-C-6550
02.AG.CM.08.DE09208CM001	G-TG-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6711
02.AG.ES.06.P1261	-T-G-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6718
02.AG.FR.91.D1265	-T-G-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6658
02.AG.GH.03.03GH181AG	C-G-TG-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-7312
02.AG.LR.x.POCA4951	-TG-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-7260
02.AG.NG.x.IBN	-G-TG-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6801
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	-TG-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6470
02.AG.US.06.562.2696.FL01	-C-G-TG-G-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6468
02.AG.US.06.562.2696.R2	-G-G-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6488
03.AR.R9.153_2	-G-T-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6475
04.CP.CY.94.0406032_3	-TG-A-A-T-A-G-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6475
05.DP.BE.X.VII310	-G-T-A-A-T-A-G-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6695
06.Cpx.AU.96.BFP90	-T-ATCC-T-G-ACA-G-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-T-CAG-T-TAC-G-G-G-A-G-GAGGTA-C-GA-G-TT
07.BC.CN.98.98BCN09	-T-AA-G-A-ACA-G-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-67349
08.BC.CN.06.nx2	-T-AA-G-A-ACA-G-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6623
09.cpx.GH.96.96GH2911	-C-TG-A-A-A-ACA-G-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-7217
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	-G-T-AA-G-A-ACA-G-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6476
11.cpx.CM.95.95CM.1816	-T-A-A-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6647
12.BF.AR.93.ARMA159	T-A-AGT-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-7290
13.cpx.CM.96.96CM.1849	-T-A-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6699
14.BG.ES.05.X1870	G-AAC-G-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6768
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	-A-T-GTA-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6649
16.AD.KR.99.97KR004	-GG-TG-A-C-T-GTA-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6496
17.BF.AR.99.AR00338	-G-T-A-A-GT-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6585
18.cpx.CU.99.CU70	-G-T-A-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6415
19.cpx.CU.99.CU7	-G-T-A-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6415
20.BG.CU.99.CU103	-G-T-AG-AT-T-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6475
21.A2D.KE.99.KER2003	C-G-T-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6475
22.01A.CM.01.01CM.0001BBY	-C-T-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6468
23.BG.CU.03.CB118	-G-T-AACAT-T-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6747
24.BG.ES.08.X2456_2	-GG-TR-AG-A-T-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6747
25.cpx.CM.02.1918LE	-T-A-A-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6494
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	-T-A-A-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6720
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-TG-AA-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6720
28.BF.BR.99.BREPM12699	-C-T-A-A-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6651
29.BF.BR.01.BREPM16704	-T-A-A-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6695
30.BF.BR.04.04BPR142	G-T-A-A-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-TG-C-TA-GATA-GA-C-G-G-C-6752
31.BF.BR.04.04BPR142	-G-T-A-A-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-TG-C-TA-GATA-GA-C-G-G-C-6748
32.BF.BR.04.04BPR142	-G-T-A-A-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-TG-C-TA-GATA-GA-C-G-G-C-6596
33.01B.ID.97.JKT189_C	-G-T-A-A-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6470
34.01B.TH.99.OUR2478P	-T-A-A-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6489
35.AD.AF.07.169N	-G-T-CA-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6489
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	-TG-A-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6471
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	-TG-A-C-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6471
38.BF.BR.01.UY03.UY03.3389	-T-A-A-T-A-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6697
39.BF.BR.04.04BRRJ179	-T-A-A-T-A-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6769
40.BF.BR.05.05BRRJ055	-C-T-AAA-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6807
42.BF.LU.03.LuBr.05.03	-T-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6817
43.026.SA.03.J11223	-T-AG-AT-T-T-A-ACA-G-CTACG-C-TGAT-T-C-G-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6731
44.BF.CL.09.CH80	-T-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6731
45.cpx.FR.04.04FR.AUK	-C-TG-G-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6731
46.BF.BR.07.07FB.PFS625	-T-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6701
47.BF.BR.08.P1842	-C-G-T-A-G-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6703
48.01.MY.07.07MYMKT021	-C-G-C-A-G-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6527
49.cpx.GM.03.N26677	-GG-T-A-CT-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-TT-CGAGTTG-C-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6716
51.01B.SG.11.11SG.HM021	-C-T-CA-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6489
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	-C-T-AG-G-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6630
53.01B.MY.11.11FIR164	-C-T-TAC-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6644
54.01B.MY.09.09MSB023	-C-T-A-A-A-ACA-TG-GG-C-TGAC-T-C-G-C-A-G-A-G-C-TG-C-G-G-A-G-C-6697
55.01B.CN.10.HNC5102056	-C-G-T-AAC-C-ACA-TG-GG-C-TGAC-TAAGAAG-C-C-TCC-ATCA-T-TG-C-GTA-A-C-CCAAG-G-GAGT-C-G-A-G-C-6581
0.BE.87.ANT70	GG-CAGG-A-AA-A-T-T-G-C-GGTAC-GCATGGGAAATAGGGGG-AC-GCAGG-AAC-GCTCA-GGC-TT-C-GTA-A-GCCA-TG-T-GGA-A-TA-A-C-GA-G-ATTT-T-7315
0.CM.91.MVP5180	C-GAT-ATA-CA-T-T-GAG-GCGGC-GTACACTAA-G-A-TAAC-T-C-TACCC-GATCA-GGT-TT-CATA-A-GA-TGT-G-A-TG-CC-C-A-C-TA-GG-ATTT-A-T-TT-7323
0.CM.98.98CMA104	G-CAG-GAAG-A-C-TG-C-GGTAC-GCATGATATAAGGG-C-AAC-C-A-CG-C-GCCA-GTC-GA-G-ATTT-T-6774
0.FR.92.VAU	CG-AG-AATGCCA-T-T-G-T-GTAC-GCATGCCCTAGT-ATAC-AAG-C-GG-CA-GG-C-TTA-GCCA-TG-C-C-A-G-C-A-G-A-G-ATTT-T-6854
0.SN.99.99SE.MP1299	C-GAG-A-AA-A-T-T-G-C-GGTAC-GCATGCCCTAGGCCC-AAGGGA-C-CC-AAT-CTCA-GAT-C-T-C-GTA-A-CTCT-TG-T-G-A-A-G-C-C-GAA-GG-ATTT-C-TT-7359
0.US.10.LTNP	GCTCCG-GA-CG-A-G-T-TG-CC-GTAC-GCATGCCCTAGGCCC-AAGGGA-C-TG-G-T-AAC-GCTCA-GG-G-T-CCGGTA-A-CCCA-TG-T-G-A-GAG-AC-C-A-C-GA-G-ATTT-T-7212
0.US.97.97US08692A	C-GAG-A-AATG-C-A-TG-C-GGTAC-GCATGAACTAAAG-A-ACACCA-C-C-TCC-ATCA-T-AT-TG-C-GTA-A-C-CCAAG-G-GAG-G-C-6781
N.CM.02.DJ00131	GG-CAGG-A-AA-A-T-T-GT-TGA-TA-A-C-A-C-G-C-T-GT-CTC-AC-A-C-G-C-TG-C-GAG-A-G-C-6743
N.CM.04.04CM.1015_04	GG-CAGG-G-A-G-A-T-T-GT-TGA-TA-A-C-A-C-G-C-TG-C-GAG-A-G-C-6736
N.CM.06.U14842	GG-CAGG-A-AA-A-T-T-GT-TGA-TA-A-C-A-C-G-C-TG-C-GAG-A-G-C-6736
N.CM.95.YBF30	GG-CAGG-G-A-G-A-T-T-GT-TGA-TA-A-C-A-C-G-C-TG-C-GAG-A-G-C-6858
N.CM.97.YBF106	GG-CAGG-G-A-G-A-T-T-GT-TGA-TA-A-C-A-C-G-C-TG-C-GAG-A-G-C-6825
N.FR.11.N1.FR.2011	GG-CAGG-G-A-G-A-T-T-GT-TGA-TA-A-C-A-C-G-C-TG-C-GAG-A-G-C-6649
P.CM.06.U14788	GG-CAGG-G-A-AA-A-GTC-TGA-TA-A-C-A-C-G-C-TG-C-GAG-A-G-C-6787
P.FR.09.RFB168	GG-CAG-G-A-G-A-A-C-TG-C-GGTAA-T-GAA-CACT-CG-G-C-G-C-TG-CTC-AC-A-C-G-C-TG-C-GAGGCA-TG-GG-GAGGCCA-TG-GA-GC-T-7339
CPZ.CD.06.BF1167	GG-CAGG-A-G-A-A-G-C-TG-C-TGAT-T-G-C-G-C-TG-C-GAGGCA-AAGTAGC-A-C-A-C-ATC-7402
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	GTCAT-A-A-A-A-G-C-TG-C-GGTAC-TT-C-G-C-TG-C-GAGGCA-AAGAGTC-C-GA-CAT-6798
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	GG-GAGG-G-A-G-A-A-G-C-TG-C-TA-A-T-G-C-C-TCT-C-T-C-G-A-G-C-C-TG-C-GAGGCA-TG-G-A-G-C-6738
CPZ.US.85.US.Marilyn	GG-CAGG-A-G-A-A-C-TG-C-TA-A-C-A-C-G-C-TG-C-GAGGAG-G-C-G-C-TG-C-GAGGAG-G-C-G-C-6948

V4 loop start

B.FR.83.HXB2	EnvTTTGGAAAT.....AAT.....AAA.....ACAATAATCTTTAAG.....CAA.....TCC.....TCAGGAGGGGGACCCAGAAATTGTAAACGCACAGTTTAATTGTTGGGGGAATTTTCTACTGTAAATCAACAC 7389
A1.AU.03.PS1044	Day0AAG.....N.....K.....G.....CT.....A-C.....CAT.....
A1.CH.03.HIV CH-BID_V3538	ACAAT.....TG.....G.....CG.....CT.....A-C.....T-T.....
A1.ES.06.X2116	-CAT.....-C.....-G.....-G.....-G.....-A.....-T.....
A1.IT.06.06KEst001	ACAAT.....-T.....-C.....-A.....-A.....-C.....-A.....
A1.RU.11.11RU6950	-CAT.....-C.....-G.....-G.....-G.....-A.....-T.....
A1.RW.07.pr463F	-CAA.....-C.....-AA.....-CT.....-A-C.....-T-T.....-G.....
A1.SE.95.S8538	-AAT.....-C.....-A.....-CT.....-A-C.....-T-T.....-G.....
A1.TZ.01.A341	-A-T.....-C.....-A.....-C-CT.....-A-C.....-T-T.....-CAC.....
A1.UA.01.01UAADN139	-AAT.....-C.....-C.....-G.....-G.....-G.....-G.....
A1.UG.07.p191845	-AAG.....-C.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-A.....-C.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....
A2.CD.97.97LDR1848	CCC1.....GC.....C.....T.....AGC.....C.....I.....
A2.CM.01.01CM1445MV	CCCT.....G.....C.....CT.....A-C.....T.....AC.....
A2.CY.94.94CY017_41	-CCCT.....-G.....-C.....-CT.....-A-C.....-AC.....-AC.....
B.AR.04.04AR143170	-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-A.....-A.....
B.AU.04.PS1038_Day174	-A.....-C.....-G.....-GT.....-C.....-T.....-A.....
B.BR.06.06MBR0061	-AA.....-C.....-G.....-GT.....-TC.....-T.....-GA.....
B.CA.07.502_1191_03	A-AAT.....-C.....-C.....-CA.....-CA.....-A.....-CA.....
B.CH.04.HIV CH-BID_V4408	-AAT.....-C.....-G.....-CA.....-A.....-T.....-G-A.....
B.CN.10.DEMB10CN002	-GGCT.....-G.....-G.....-T.....-T.....-A.....-T.....
B.CO.01.PCM001	-AA.....-T.....-T.....-T.....-T.....-C.....-A.....
B.CU.99.Cu19	-A-G.....-C.....-A.....-T.....-A.....-T.....-A.....
B.CY.09.CY266	-CAAG.....-CC.....-C.....-A.....-C.....-A.....-A.....
B.DE.04.HIV DE BID_V4131	ATTG.....-A.....-G.....-GC.....-C.....-T.....-A.....
B.DK.07.PMV1 011	-GG-G.....-A.....-G.....-C-A.....-C.....-T.....-A.....
B.DO.05.05DO 160884	-AA.....-A.....-G.....-G.....-C-A.....-CT.....-C.....
B.E5.09.P2149_3	-AA.....-A.....-G.....-G.....-C.....-T.....-CA.....
B.FR.08.DEMB08FR002	-AA.....-A.....-G.....-G.....-C.....-G.....-G-A.....
B.GE.03.03GEM2004	-AA.....-A.....-G.....-G.....-T.....-G.....-A.....
B.BR.05.05BR129389	-AA.....-A.....-G.....-G.....-G.....-T.....-A.....
B.JM.01.JM_KJ108	-AA.....-G.....-G.....-G.....-TC.....-T.....-G.....
B.JP.05.DR6538	-G.....-T.....-G.....-T.....-G.....-G.....-T.....
B.KR.07.07KYX4	-C.....-AG.....-G.....-TACAAACA.....-T.....-G.....-G-A.....
B.NL.00.671_00T36	-A.....-A-A.....-G.....-AGT.....-TC.....-G.....-T.....
B.PE.07.502_2649_w08	-G.....-A.....-G.....-G.....-A.....-T.....-A.....
B.PY.03.03PY_PSP0115	-A.....-A.....-G.....-G.....-T.....-C.....-A.....
B.RU.07.11RU21n	-A.....-G.....-C.....-T.....-C.....-T.....-A.....
B.TH.07.AA040a_WG11	-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G-A.....
B.TT.01.01TT_CRC50069	-AG.....-G.....-G.....-G.....-T.....-T.....-T-C.....
B.TW.94.TWCYSLM49	-G.....-G.....-G.....-G.....-T.....-T.....-G.....
B.UA.01.01UAKV167	-AAC.....-G.....-C.....-G-TCAA.....-C.....-T.....-T-A.....
B.US.02.ES38	-AAC.....-AAC.....-C.....-GG.....-CT.....-T.....-A.....
B.UY.02.0201_TSU1290	-AAC.....-AAC.....-C.....-T.....-CA.....-A.....-A.....
B.VD.10.DEMB10VE001	-A.....-G.....-C.....-AACATTGGGAAAC.....-GC.....-T.....-G.....
B.YE.02.02YE507	-G.....-A.....-G.....-G.....-T.....-C.....-A.....
C.AR.01.AR4086	-CCC1.....-C.....-C.....-CAA.....-CA.....-A.....-T-C.....
C.BR.07.DEMB07BR003	-CCC1.....-C.....-C.....-CA.....-CA.....-AC.....-A.....
C.BW.00.00WV62621	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-G.....-T.....-A.....
C.CN.08.YNRL9840	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-G.....-T.....-A.....
C.CY.89.CY266	-CCC1.....-C.....-C.....-GCA.....-GA.....-T.....-G.....
C.ES.67.X2118_2	-CCC1.....-C.....-C.....-GCA.....-GA.....-T.....-A.....
C.ET.02.02ET_288	-CCC1.....-C.....-C.....-GCA.....-GC.....-T.....-A.....
C.GE.03.03GEM2033	-CCC1.....-C.....-C.....-GCA.....-GC.....-T.....-A.....
C.IL.98.98IS002	-CCC1.....-C.....-C.....-GCA.....-GA.....-A.....-T-A.....
C.IN.03.D24	-CCC1.....-C.....-C.....-GAA.....-CA.....-T.....-G.....
C.KE.03.KER2010	-CCC1.....-C.....-C.....-GAA.....-CA.....-T.....-A.....
C.MM.99.mIDU101_3	-CCC1.....-C.....-C.....-GAA.....-CA.....-T.....-A.....
C.MW.93.93MW_965	-CCC1.....-C.....-C.....-GAA.....-CA.....-T.....-A.....
C.SN.90.90SE_364	-CCC1.....-C.....-C.....-GG.....-AT.....-G.....-A.....
C.SO.89.89SM_145	-CCC1.....-C.....-C.....-AG.....-G.....-T.....-G.....
C.TZ.90.501	-CCC1.....-C.....-C.....-GAA.....-TT.....-T.....-A.....
C.ZU.90.98UC_MSC3018	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-CA.....-T.....-T.....
C.UV.01.TRA3011	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-GT.....-A.....-A.....
C.UV.02.02YE511	-CCC1.....-C.....-C.....-T.....-GG.....-T.....-T.....
C.ZA.02.DEMC10ZA001	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-CA.....-T.....-A.....
C.ZM.02.02ZM108	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-G.....-T.....-A.....
D.CD.83.ELI	-C.....-A.....-C.....-T.....-AG.....-A.....-C.....
D.CM.10.DEMD10CM009	-C.....-A.....-C.....-G.....-T.....-AC.....-A.....
D.CY.06.CY163	-C.....-A.....-C.....-G.....-T.....-AC.....-A.....
D.KE.97.ML415_2	-C.....-AAC.....-G.....-GA.....-AT.....-G.....-G-A.....
D.KR.04.04KBH8	-C.....-AAC.....-G.....-GA.....-AT.....-G.....-G-A.....
D.SN.90.90SE365	-C.....-AAC.....-G.....-GA.....-AT.....-G.....-G-A.....
D.TD.99.MN011	-C.....-AAC.....-G.....-CA.....-T.....-GT.....-G-A.....
D.TZ.01.A260	-C.....-AAC.....-G.....-CA.....-T.....-AC.....-G-A.....
D.UG.08.p191859	-C.....-AAC.....-G.....-CA.....-T.....-AC.....-G-A.....
D.YE.02.02YE516	-C.....-AAC.....-G.....-G.....-A.....-AC.....-G-A.....
D.ZA.90.R1	-C.....-AAC.....-G.....-AT.....-GA.....-C.....-AC.....
F1.AR.06.AR_06_ANG125	-CCC1.....-C.....-C.....-GCA.....-C.....-T.....-A.....
F1.AR.02.ARE933	-CCC1.....-C.....-C.....-TAA.....-C.....-TC.....-C.....
F1.BE.93.V1850	-CCC1.....-C.....-C.....-GAA.....-AA.....-T.....-CG-A.....
F1.BR.07.07BR844	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-G.....-T.....-A.....
F1.CS.08.08CS001	-CCC1.....-C.....-C.....-AAT.....-AA.....-T.....-G.....
F1.FS.07.DEMF110ES001	-CCC1.....-C.....-C.....-CTT.....-CA.....-T.....-G.....
F1.FI.93.FIN9363	-CCC1.....-C.....-C.....-CAA.....-C.....-TC.....-A.....
F1.FR.96.96FR_MP411	-CCC1.....-C.....-C.....-AA.....-C.....-TC.....-A.....
F1.RO.96.BCI_R07	-CCC1.....-C.....-C.....-CA.....-C.....-TC.....-A.....
F1.RU.08.D88_845	-CCC1.....-C.....-C.....-CA.....-C.....-TC.....-A.....
F2.CM.10.DEMF210CM007	-CCC1.....-C.....-C.....-AAGA-ACA.....-TA.....-CT.....-G.....
F2.CM.97.CM53657	-CCC1.....-C.....-C.....-T.....-CA.....-GC.....-A.....
G.BE.96.DRCBL	-CCC1.....-C.....-C.....-ATT.....-G.....-G.....-G.....
G.CM.10.DEMG10CM008	-CCC1.....-C.....-C.....-AAAGACATA.....-T.....-TAAACCC-AT.....-G.....
G.CN.08.GX_2084_08	-CCC1.....-C.....-C.....-AAAGAACATA.....-C-TTGGG-AC.....-CA.....-G.....
G.CU.99.Cu74	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-G.....-G.....-G.....
G.ES.09.X2634_2	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-GC.....-TC.....-A.....
G.GH.03.03GH175G	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-G.....-G.....-G.....
G.KE.93.HH8793_12_1	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-G.....-G.....-G.....
G.NG.09.09NG_SC62	-CCC1.....-C.....-C.....-G.....-G.....-G.....-G.....

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

V4 loop end											
B.FR.83.HXB2	AACTGTTT.....AATAGTACTTGG.....TTTAAT.....AGT.....ACTGGGACT.....GAAGGGTCATAAACACT.....GAAGGAAGTGACACA.....ATCACC.....CTCCCATGCAGATAAAA	7487									
Env	Q_L_F.....N_S_T_W_F_N_S.....T_W_S_T.....CA_AT.....T_G.....E_G_S_N_N_T.....E_G_S_D_T.....I_T_L_P_C_R_I_K	7445									
G.PT_X_PT3306	GG.....G_CAA.....TGAATATT.....G_GATCAAAT.....CA_AT.....T_G.....T_T-A_A-T_T.....A.....T.....T_G.....7445										
G.SE.93_SE6165_G6165	GC.....TCA_GCCT.....G_GATCAAAT.....TA_ACCAATGACACCTATA.....CA_CAA.....GC_CAGAA.....TATC.....CA_GA_AT.....A.....A.....A.....A.....6893										
H.BE.93_VI991	-T.....C.....ACC.....AGC.....C.....TA_ACCAATGACACCTATA.....CA_CAA.....GC_CAGAA.....TATC.....CA_GA_AT.....A.....A.....A.....A.....6892										
H.BE.93_VI997	GG.....G.....AC.....AG.....C.....A.....AA.....G.....AA.....TGA.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6892										
H.CF.90_056	GG.....G.....G.....G.....AA.....T.....CAT.....C.....AA.....G.....AA.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6896										
H.GB.00_006BAC4001	G_T.....C.....AA.....GC.....AA.....TGA.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6995										
J.CD.97_J_97DC_KTB147	T.....C.....G.....GA.....G.....A.....A.....ACTGTG.....GC.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6681										
J.CM.94_04CMU1422	GC.....C.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....7001										
J.SE.93_SE9288_7887	C.....C.....G.....GA.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6782										
J.SE.94_SE9173_7022	C.....C.....G.....GA.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6792										
K.CD.97_97ZR_EQTB11	-CAC.....G.....G.....GAC.....AGA.....GAG.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6664										
K.CM.96_96LM_MP535	G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6650										
01 AE_AF_07_569N	G.....C.....C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6681										
01 AE_CN_09_1119	G.....G.....G.....A.....AA.....ACA.....AA.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6712										
01 AE_HK_04_HK001	G.....G.....G.....AA.....ACA.....AA.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6839										
01 AE_JP_x_DR8492	G.....G.....G.....AA.....ACA.....AA.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6737										
01 AE_JP_x_HK001	G.....G.....G.....AA.....ACA.....AA.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6869										
01 AE_TH_09_AA111a_WG11	T.....AC.....TT.....G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6902										
01 AE_TH_09_CM240	A.....A.....C.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....67040										
01 AE_VN_98_98VNND15	G.....A.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6733										
02 AG_CM_08_DE00208CM001	T.....A.....G.....TT.....G.....A.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6689										
02 AG_ES_05_P1261	C.....C.....G.....GAG.....A.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6925										
02 AG_FR_91_D1263	C.....C.....G.....AA.....GC.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6862										
02 AG_GH_03_03GH181AG	C.....C.....CCC.....AAC.....C.....G.....GAC.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....67519										
02 AG_LR_x_POC44951	T.....C.....G.....GA.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....67458										
02 AG_NG_x_IBNG	C.....C.....G.....GA.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6696										
02 AG_SN_98_98SE_MP1211	C.....C.....G.....GC.....GC.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6689										
02 AG_US_05_502_2696_FL01A.....AA.....G.....GAC.....C.....C.....C.....C.....AA.....G.....C.....A.....A.....A.....6666										
02 AG_UZ_02_02020683	C.....C.....C.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....6680										
03 AB_RZ_97_97L53_2	C.....C.....C.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....6664										
04 DE_CV_94_04DE032_3	C.....C.....C.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....6653										
05 DE_BE_x_VII310	C.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6884										
06 CPX_AU_96_BFP90	G.....C.....CAT.....GAC.....C.....GTT.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....67538										
07 BC_CM_98_98CN009	GC.....G.....A.....AC.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6809										
08 BC_CN_06_nx2	G.....G.....A.....AC.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....67430										
09 CPX_GH_06_96GH2911	GC.....A.....G.....GTC.....A.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6665										
10 CD_TZ_96_96TZ_BF061	G.....A.....A.....ACATCA.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6836										
11 CPX_CM_95_95CM_1816	G.....A.....AA.....GC.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6886										
12 BF_AR_93_ARM159	G.....A.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6749										
13 CPX_CM_96_96CM_1849	CC.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6906										
14 BG_ES_05_X1870	T.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6963										
15 01B_TH_99_99TH_MU2079	G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6847										
16 AD_KR_99_97KR0084	GC.....C.....G.....CC.....GCC.....AA.....GCA.....AA.....G.....G.....G.....G.....G.....6853										
17 BF_AR_99_99AR038	GACT.....CC.....GA.....GACACA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6753										
18 CPX CU_99_CU76	CCT.....C.....AA.....AACARRT.....C.....C.....AA.....AACARRT.....C.....C.....AA.....6795										
19 CPX CU_99_CU76	C.....C.....G.....AA.....GC.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6566										
20 BG_CU_99_Cu103	G.....A.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6918										
21 A2D KE_99_KER2003	G.....A.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6676										
22 01A1_CM_01_01CM_0001BBY	GC.....C.....AA.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6654										
23 BG_CU_03_CB118	G.....C.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6918										
24 BG_ES_08_X2456_2	G.....G.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6935										
25 CPX_CM_02_1918LE	GCT.....G.....G.....ACA.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6686										
26 AU_CD_02_02CD_MBTP047	GC.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6745										
27 CPX_FR_04_04CD_FR_KZS	G.....C.....AA.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....6749										
28 BF_BR_99_BPREM12699	TG.....C.....AA.....GAGCTG.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6879										
29 BF_BR_01_BPREM16704	GG.....GT.....AA.....GAGCTG.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6926										
31 BC_BR_04_04BF142	GC.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6943										
32 CPX_FR_04_04FR	G.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6776										
33 01B_ID_97_JKT189_C	G.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6653										
34 01B_TH_99_OUR2478P	G.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6669										
35 AD_AF_07_169N	GC.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6684										
36 CPX_CM_00_00CMNYU830	G.....C.....GGT.....AAC.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6669										
37 CPX_CM_00_00CMNYU926	GC.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6862										
38 BF_UY_03_UY03_3389	G.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6931										
39 BF_BR_04_04BRRIJ179	T.....G.....A.....AA.....ACACA.....GG.....C.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....6978										
40 BF_BR_05_05BRRIJ055	G.....T.....G.....A.....AA.....ACACA.....GG.....C.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....6979										
42 BF_LU_03_LuBr_05_03	G.....T.....G.....A.....AA.....ACACA.....GG.....C.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....6970										
43 026_SA_03_J11223	G.....T.....G.....A.....AA.....ACACA.....GG.....C.....C.....AA.....AA.....AA.....AA.....6905										
44 BF_CL_09_CH82	G.....T.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6744										
45 CPX_FR_04_04FR_AUK	G.....T.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6866										
46 BF_BR_07_07P1842_FPS625	G.....T.....G.....AA.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6901										
48 01B_MY_07_07MYKT021	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....67042										
49 CPX_GM_03_N26677	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6914										
51 01B_SG_11_11SG_HM021	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6678										
52 01B_MY_03_03MYKL018_1	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6816										
53 01B_MY_11_11FIR164	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6803										
54 01B_MY_09_09MSB023	G.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6892										
55 01B_CN_10_HNC5102056	G.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6809										
0.BE_87_ANT70	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6920										
0.CM_91_MVP5180	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6920										
0.CM_98_98CM104	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
0.FR_92_VAU	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
0.SN_99_99SE_MP1299	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
0.US_10_LTNP	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
0.US_97_97US08692A	G.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
N.CM_02_DJ00131	G.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
N.CM_04_04CM_1015_04	G.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
N.CM_06_U14842	G.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
N.CM_95_YBF30	G.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
N.CM_97_YBF106	G.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
N.FR.11.NI_2011	G.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
P.CM_06_U14788	GC.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
P.FR.09_RB1F68	CC.....T.....G.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
CPZ_CD_06_BF1167	TTG.....ACA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
CPZ_CM_05_SIVcpzMT145	GA.....CA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
CPZ_CM_88_GAB1	AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
CPZ_TZ_06_SIVcpzTAN13	TG.....A.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										
CPZ_US_Marilyn	CC.....C.....TG.....AC.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....AA.....6904										

HV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.R. 83. HXB2
Env
G.PT.x.PT3306
G.S.E. 93. SE165 G6165
H.BE. 93. VI91
H.BE. 93. VI97
H.CF. 90. 056
H.GB. 00. 096BAC4001
J. CD. 97. J_97DC_KTB147
J. CM. 04. 04CMU11421
J. SE. 93. SE9280 7887
J. SE. 94. SE9173 7022
K. CD. 97. 97ZR_EQTB11
K. CM. 96. 96CM_MP535
01 AE. AF. 07. 569M
01 AE. CN. 09. 1119
01 AE. HK. 04. HK001
01 AE. JP. x. DR0492
01 AE. TH. 04. BKM
01 AE. TH. 09. AA111a_WG11
01 AE. TH. 98. CM24
01 AE. VN. 09. 388WMD15
02 AE. CM. 09. 000208CM001
02 AE. ES. 06. P1261
02 AF. FR. 91. D1263
02 AG. GH. 03. 03GH181AG
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. x. IBNG
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
02 AG. US. 06. 502_2696 FL01
02 AG. UZ. 02U20683
03 AB. RU. 97. KAL153 2
03 cpx. CY. 94. 94CY032_3
05 DF. BE. x. V1310
09 cpx. CY. 96. 96CY009
09 BC. CN. 98. 98CN009
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM_1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM_1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. C176
19 cpx. CU. 99. C07
20 cpx. CU. 99. C103
21 AJD. KE. 99. KER2003
01A1. CM. 01. 01CM_0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD FR_KZS
28 BF. BR. 99. BREPM16269
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EF. 01EE0369
01A1. JN. 01. JN0189 C
34 01A1. TH. 99. OUR247P
AD. AF. 07. 169P
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
BF. JY. JY. UY03_3389
39 BF. BR. 04. 04BRR1719
40 BF. BR. 05. 05RBR055
42 BF. LU. 03. TUFB 05 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK
46 BF. BR. 04. 04FR_FPS625
47 BF. ES. 06. P1982
48 01B. MY. 07. 07MYK021
49 cpx. GM. 03. N26677
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MKL018 1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
0. BE. 87. AN770
CM. 91. MPV5180
0. CM. 98. 98CM104
0. FR. 92. VAU
0. SN. 99. 99SE MP1299
0. US. 10. LTPN
0. US. 09. 97.97US08629A
NM. 02. DJ00131
NM. 04. 04CM_1015_04
NM. 06. U14842
NM. 97. YB130
NM. 97. YB106
NF. 11. NL. RFB_2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CM. 05. SIVcpMT145
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. T. 06. SIVcpTAN13
CPZ. US. 05. US_Marilyn

V5 start
AATAGCAAC.....AATGA 7615
.....NSN.....AATGA 7594
.....CTT - TAATG TATAA TACA ACTGAG CC-A 7594
.....-AT - AATAAACAAATACA - GCG - 7015
.....-CA - T - GCG - 6934
.....GG - A - T - GCG - 6929
.....GGGTCT - GCA - 6934
.....GG - AC 7123
.....TGATAG - T - GCA - 6934
.....C - GGAGAGT - AG 6815
.....G - C - AG - AGCATGCAAC GCA - 7141
.....-C - GGGAGATTGCAGTGGAG - G - 6922
.....-C - G - TGCGAGTGGAG - G - 6929
.....-GA - TAATACT - GGAC - 6798
.....-AT - AT - C-C - 6775
.....-C - C - 6775
.....G - AC 6806
.....-AC - 6837
.....-C - 6973
.....GC - AT - T - GCGAC 7635
.....GG - AT - TGACTCG - G - 7603
.....GCG - A - ACACTGGTGAACACGAA - CC - 7048
.....GT - AT - T - CG - 7168
.....-AT - G - AGGACTAAAGCAGACTAACAGAG - CA - 7048
.....-G - AT - GACACA - GA - 6805
.....-G - AT - TGGGTCT - G - 7050
.....-G - AT - T - GCGAC 7635
.....-G - AT - TGAGAGTGGCA - G - 7656
.....G - AC 7586
.....G - AC 7121
.....G - AT - CT - G - 6817
.....G - AT - TAATAAT - T - G - 6800
.....G - AC 6805
.....-C - 6797
.....-C - AT - T - G - 6986
.....-G - AT - TGATAGCTCC - C - 7021
.....-G - AT - G - CAGACA - G - 6986
.....-G - AT - T - G - 6971
.....G - AG - AG - G - 7555
.....G - AT - GTAG - G - 6788
.....G - AT - TAAT - G - 6967
.....CT - ATG - GACT - C - 7580
.....GTGG - T - TAAT - GAC - 7037
.....-A - ATG - GAATACCACG - GCA - 7097
.....-G - GGG - AT - GCAAC 6984
.....C - GG - A - TGTT - G - 6804
.....-Y - CATKNT - CA - 6682
.....-A - ATGACT - A - 6682
.....-G - AT - TACA - G - 6807
.....-G - AC - T - G - 6782
.....CC - AT - GTAST - G - 7044
.....-G - G - 7066
.....-A - AT - G - 6814
.....-AGAT - G - 7603
.....CAT - CT - 7615
.....TC - AT - GAGACC - CAT - 7013
.....-G - AT - TACACT - CAG - 7060
.....-AAG - 7065
.....-GGA - GT - 7241
.....GT - AT - TAGT - GAA - 7241
.....-T - C - 7241
.....-G - AT - G - 6797
.....GC - AT - G - 6797
.....-A - AT - G - 6812
.....-T - A - A - CA - 6797
.....C - G - AA - TAATGAGGTTGACAGGCA - C - TG 7011
.....-G - G - A - TAATGAGTACT - C - 7068
.....C - G - AT - TAGACT - A - 7112
.....CTGGCT - TCAGACTTGA - C - 7116
.....-G - AC 7099
.....-G - CT - 7571
.....-G - AC - 7099
.....-A - GAAAC - G - 7032
.....-G - AT - CT - G - 6835
.....-C - AT - CT - A - 7042
.....-G - AC 6806
.....-A - T - A - 6944
.....GG - AT - T - G - 6931
.....-T - ATG - GACT - G - 7023
.....GGGAG 6937
.....TGG - A - G - GCA - 7653
.....TGG - ATT - ACA - GCA - 7668
.....TGG - GGGAGTGTCAAAGGACATTAATGCTACATGGA - C - CC 7216
.....TGG - AT - AAC - GCA - 7703
.....TGG - A - G - ACC - C - CCC 7577
.....TGGGA - T - CCC - G - 7141
.....TGG - A - G - G - 7034
.....-G - A - T - AT - 7015
.....-G - AT - T - G - 7079
.....-G - G - AT - T - G - 7158
.....-G - AT - T - G - 7116
.....-A - GGT - G - 6943
.....-T - C - ATG - G - 7046
.....-G - AT - T - G - 7686
.....-G - AC - 7719
.....-G - C - 7109
.....-G - AT - T - G - 7634
.....-G - AT - T - G - 7233
.....-G - AG - 7614

B.FR.83.HXB2	TG.....GGA.....ATAGGAGCTTGTCTCTGGG...TTCTGGAGCAGCAGGAAGCACTATGGGCGAGCCTCAATGACGCTACGGTACAGGCCAGAACATTGTCTGGTATACTGAGCAGCAGAACAAATTGCTGAGGGCTATTGAGGCCAACAG	7913
Env	V.....G.....TIGALFLG.....FLGAAAGSSTMGAASMTLTLTVQAROLLSGI.....VQONNLLRRAIEAAQ.....	
G.PT.X.PT3306	-T.....G-C.....G-C.....A.....-G-G.....A.....T.....C.....A.....A-A.....A.....G.....	7889
G.SE.93.SE6195_G6165	-A.....-G.....-T.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7331
H.BE.93.VI991	-A.....-G.....-T.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7312
H.BE.93.VI997	-A.....-G.....-T.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7327
H.CF.90.056	-A.....-G.....-C-T.....-R.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7232
H.GB.00.00GBAC4001	-A.....-G.....-G.....-A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7221
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-A.....-G.....-G.....-A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7116
J.CM.04.04CMU1422	-A.....-G.....-G.....-A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7439
J.SE.93.SE9288_7887	-A.....-G.....-T.....-A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7200
J.SE.94.SE9173_7022	-A.....-G.....-A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7227
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-A.....-G.....-G.....-A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7096
K.CM.96.96CM.MP535	-A.....-G.....-G.....-A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	A 7073
01 AE_AF.07.569N	-A.....-A-A.....T.....-A.....-A.....-G.....-A.....-A.....-A.....-G.....	7104
01 AE_CN.09.1119	-A.....-A-A.....T.....-A.....-A.....-G.....-A.....-A.....-A.....-G.....	7135
01 AE_HK.04.HK001	-A.....-A-A.....T.....-A.....-A.....-G.....-A.....-A.....-A.....-G.....	7274
01 AE_JP_x.DR6492	-A.....-A-A.....T.....-A.....-A.....-G.....-A.....-A.....-A.....-G.....	7933
01 AE_TH.04.TH04	-A.....-A-A.....T.....-A.....-A.....-G.....-A.....-A.....-A.....-G.....	7011
01 AE_TH.09_AA111a_WG11	-A.....-A-A.....T.....-A.....-A.....-G.....-A.....-A.....-A.....-G.....	7346
01 AE_TH.09_CM240	-A.....-A-A.....T.....-A.....-A.....-G.....-A.....-A.....-A.....-G.....	7466
01 AE_VN.98.98VNND15	-A.....-A-A.....T.....-A.....-A.....-G.....-A.....-A.....-A.....-G.....	7183
02 AG_CM.08.DE00208CM001	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	A 7344
02 AG_ES.06.P1261	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7351
02 AG_FR.91.D1263	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7288
02 AG_GH.03.03GH181AG	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7954
02 AG_LR.x.POC44951	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7884
02 AG_NG_x.IBNI	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7419
02 AG_SN.98.98SE_MP1211	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7115
02 AG_US.05.502_2696_FL01	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7098
02 AG_UZ.02.02020683	-C.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	713
03 AB_RZ.97.RZ0153_2	-C.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	A 7090
04 DE_CV.94.0406032_3	-C.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	A 7053
05 DE_BE_x.VII310	-C.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7319
06 Cpx_AU.96.BFP90	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7961
07 BC_CN.98.98CN009	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7235
08 BC_CN.06.nx2	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7869
09 cpx_GH.96.96GH2911	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7085
10 CD_TZ.96.96TZ_BF061	-A.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7265
11 cpx_CM.95.95CM.1816	-A.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7312
12 BF_AR.99.ARMA159	-A.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7878
13 cpx_CM.96.96CM.1849	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7338
14 BG_ES.05.XI870	-A.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7395
15 AD_KR.99.99TH_MU2079	-T.....ACG.....A.....C-C.....T.....-A.....-A.....-G.....-G.....-G.....	7285
16 AD_KR.99.97KR004	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	779
17 BF_AR.99.AR0038	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7102
18 cpx_CU.99.CU76	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7221
19 cpx_CU.99.CU7	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	A 6979
20 BG_CU.99.Cu103	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7347
21 A2D KE.99.KER2003	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	A 7105
22 01A1_CM.01.01CM_0001BBY	-A.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7080
23 BG_CU.03.CB118	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7341
24 BG_ES.08.X2456_2	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7364
25 cpx_CM.02.1918LE	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7112
26 AU_CD.02.01CD_MBTB047	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7901
27 cpx_FR.04.04CD_FR_KZS	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7912
28 BF_BR.99.BREPM12699	-T.....GCA.....C.....C.....A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7314
29 BF_BR.01.BREPM16704	-T.....GCA.....C.....C.....A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7358
31 BC_BR.04.04BR0142	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7339
32 cpx_EU.01.01EU.01	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7205
33 01B_ID.97.JKT189_C	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7079
34 01B_TH.99.OUR2478P	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7095
35 AD_AF.07.169N	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	A 7110
36 cpx_CM.00.00CMNYU830	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7095
37 cpx_CM.00.00CMNYU926	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7309
38 BF1_UY.03.UY03_3389	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7363
39 BF_BR.04.04BRJ179	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7410
40 BF_BR.05.05BRRJ055	-T.....ACG.....C.....G-C.....A.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7375
42 BF_LU.03.LuBF_05_03	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7396
43 02 LU.03.JI1223	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7328
44 BF_CL.00.CH80	-T.....AC.....C.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7872
45 cpx_FR.04.04FR_AUK	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7299
46 BF_BR.07.07FB_FPS625	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7230
47 BF_BR.08.P1942	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7133
48 01B_My.07.07MKT021	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	A 7340
49 cpx_GM.03.N26677	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7104
51 01B_SG.11.11SG_HM021	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7242
52 01B_MY.03.03MYKL018_1	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7229
53 01B_MY.11.11FIR164	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7321
54 01B_MY.09.09MSB023	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7235
55 01B_CN.10.HNC5102056	-T.....C-G.....G-C.....A.....G.....-G.....-G.....-G.....-G.....-G.....	7966
0.BE.87.ANT70	-A.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-TC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7983
0.CM.91.MVP5180	-A.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-GC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7461
0.CM.98.98CMA104	-A.....T-G.....ATGC-A.....T-A.....G-TCAA-T.....T.....-G.....-G.....	7529
0.FR.92.VAU	-A.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....A-TCAA-T.....T.....-G.....-G.....	8016
0.SN.99.99SE_MP1299	-A.....T-G.....ATGC-A.....T-A.....G-TCAA-T.....T.....-G.....-G.....	7890
0.US.10.LTNP	-A.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-TCAA-T.....T.....-G.....-G.....	7453
0.US.97.97US08692A	-A.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-TCAA-T.....T.....-G.....-G.....	7337
N.CM.02.DJ00131	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-TC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7315
N.CM.04.04CM_1015_04	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-GC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7383
N.CM.06.U14842	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-GC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7461
N.CM.95.YBF30	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-GC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7461
N.CM.97.YBF106	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-GC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7416
N.FR.11.N1.FR.2011	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-GC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7243
P.CM.06.U14788	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-GC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	7462
P.FR.09.RBF168	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....T-G.....G-GC-AA-T.....T.....-G.....-G.....	8002
CPZ_CD.06.BF1167	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....TA-G-A.....TC-CA-T.....T.....-G.....-G.....	8038
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....TA-G-A.....TC-CA-T.....T.....-G.....-G.....	7422
CPZ_CM.98.GAB1	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....TA-G-A.....TC-CA-C.....T-A.....-G.....-G.....	7950
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....TA-G-A.....TC-CA-C.....T-A.....-G.....-G.....	7533
CPZ.US.85.US_Marilyn	-A.....C.....T-G.....ATGC-A.....TA-G-A.....TC-T-AC-G.....T-A.....-G.....-G.....	7918

RRE end	
B.FR.83.HXB2	8075
Env	
G.PT.X.PT3306	8051
G.SE.93.SE615_G6165	7493
H.BE.93.VI991	7474
H.BE.93.VI997	7389
H.CF.90.056	7394
H.GB.00.000BAC4001	7583
J.CD.97.J.97DC.KTB147	7278
J.CM.94.04CMU1422	7601
J.SE.93.SE9288_7887	7382
J.SE.94.SE9173_7022	7389
K.CD.97.97ZR.EQTB11	7258
K.CM.96.96CM.MP535	7235
01 AE_AF.07.569N	7266
01 AE_CN.09.1119	7297
01 AE_HK.04.HK001	7436
01 AE_JP.x.DR8492	8095
01 AE_TH.04.TH04	8053
01 AE_TH.09_AA111a_WG11	7628
01 AE_TH.09_CM240	7345
01 AE_VN.98.98VNND15	7506
02 AG_CM.08.DE09208CM001	7513
02 AG_ES.06.P1261	7450
02 AG_FR.91.D1263	8116
02 AG_GH.03.03GH181AG	8046
02 AG_LR.x.POC44951	7581
02 AG_NG.IB.NG	7280
02 AG_SN.98.98SE_MP1211	7260
02 AG_US.05.502_2696_FL01	7265
02 AG_UZ.02.020Z0683	7252
03 AB_RZ.97.97L53_3	7455
04 CPX_CV.94.04C032_3	7481
05 DP_BE.x.VII310	8123
06 CPX_AU.96.BFP90	7397
07 BC_CN.98.98CN09	8031
08 BC_CN.06.nx2	7247
09 CPX_GH.96.96GH2911	7427
10 CD_TZ.96.96TZ_BF061	7474
11 CPX_CM.95.95CM_1816	8040
12 BF_AR.93.ARMA159	7500
13 CPX_CM.96.96CM_1849	7557
14 BG_ES.05.X1870	7447
15 01B_TH.99.99TH_MU2079	7441
16 AD_KR.99.97KR004	7564
17 BF_AR.99.ARPA38	7583
18 CPX_CU.99.CU76	7141
19 CPX_CU.99.CU7	7509
20 BG_CU.99.Cu103	7267
21 A2D KE.99.KER2003	7242
22 01A1_CM.01.01CM_0001BBY	7503
23 BG_CU.03.CB118	7526
24 BG_ES.08.X2456_2	7274
25 CPX_CM.02.1918LE	8063
26 AU_CD.02.02CD_MBTP047	8074
27 CPX_FR.04.04CD_FR_KZS	7476
28 BF_BR.99.BREPM12699	7520
29 BF_BR.01.BREPM16704	7355
31 BC_BR.04.04BR1422	7201
32 CE_EE.01.01EE_01	7367
33 01B_ID.97.JKT189_C	7241
34 01B_TH.99.OUR2478P	7257
35 AD_AF.07.169N	7272
36 CPX_CM.00.00CMNYU830	7257
37 CPX_CM.00.00CMNYU926	7471
38 BF_1.UY.03.UY03_3389	7525
39 BF_BR.04.04BRJ179	7572
40 BF_BR.05.05BRRJ055	7537
42 BF_LU.03.LuBTR_05_03	7558
43 02G_SA.03.J11223	7490
44 BF_CL.04.CH80	8034
45 CPX_FR.04.04FR_AUK	7492
46 BF_BR.07.07FB_FPS625	7295
47 BE_EB.08.P1842	7502
48 01B_MY.07.07MYKT021	7266
49 CPX_GM.03.N26677	7404
51 01B_SG.11.11SG_HM021	7391
52 01B_MY.03.03MYKL018_1	7483
53 01B_MY.11.11FIR164	7397
54 01B_MY.09.09MYSB023	8128
55 01B_CN.10.HNC5102056	8145
0.BE.87.ANT70	7623
0.CM.91.MVP5180	7626
0.CM.98.98CMA104	7623
0.FR.92.VAU	7694
0.SN.99.99SE_MP1299	8178
0.US.10.LTNP	8052
0.US.97.97US08692A	7618
N.CM.02.DJ00131	7499
N.CM.04.04CM_1015_04	7477
N.CM.06.U14842	7545
N.CM.95.YBF30	7623
N.CM.97.YBF106	7578
N.FR.11.NI.FR_2011	7405
P.CM.06.U14788	7624
P.FR.09.RFB168	8164
CPZ_CD.06.BF1167	8205
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	7584
CPZ_GA.88.GAB1	8115
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	7700
CPZ_US.85.US_Marilyn	8080

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	TCT	CTG	GAACAGATTTGGAATCACAGGACCTGGATGGGGAGAGAAAATTAAACATTACAAAGCTTAATACACTCTTAATTGAAGAATCGAAACCAAGCAGAAAAGAATGACAAGAATTATTGGAT	8211
Env	S L	E O I W N H T W M E W D R E I N N Y S L I H S L I A T T E E S Q N Q O E K N E O E L L E		
A1.AU.03.P1044.Day0	AAAC	AA	AGTG-A-G-CA-A-T-C-AC-A-T-AG-G-T-CAA-T-TAAC	G-C-G-TA-C-C
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	-C	-TAT	CG-C-A-GG-A-T-C-AC-A-T-G-A-G-Y-G-G-T-GA-CA-T-TAAC	-A-G-G-TA-C-C
A1.ES.06.X2116	-C	-TAT	TG-T-A-A-A-CT-C-CA-R-T-A-G-AG-G-TT-ATC-T-TAAC	-A-G-G-TA-C-C
A1.IT.06.06KEst001	-A	-TAT	-G-G-A-G-A-T-C-T-A-G-C-T-CAA-C-T-TAAC	-G-T-G-G-TA-C-C
A1.RU.11.1IRU6950	-G	-TAT	C-GG-A-G-A-G-A-T-C-C-A-T-A-G-AG-G-TT-ATC-T-TAAC	-G-T-G-G-TA-C-C
A1.RW.07.pR463F	-C	-TAT	AGTG-A-G-A-G-AG-T-C-C-A-T-A-G-AG-G-TT-ATC-T-TAAC	-A-G-G-TA-C-C
A1.SE.95.S8538	-C	-TAC	TG-C-A-C-GA-T-C-C-A-T-A-G-G-GA-A-T-TAGC	-G-G-TA-C-C
A1.TZ.01.A341	-A	-AT	TG-C-A-G-A-T-C-C-A-T-A-G-G-GA-A-T-TAGC	-A-G-G-TA-C-C
A1.UA.01.0IUADN139	-A	-AT	TG-C-A-G-A-T-C-C-A-T-A-G-G-GA-A-T-TAGC	-A-G-G-TA-C-C
A1.UG.07.p191845	-A	-AT	AGTG-A-G-A-G-C-A-T-C-C-A-T-A-G-G-GA-A-T-TAGC	-G-G-TA-C-C
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-A	-AT	TG-C-A-G-A-T-C-C-A-T-A-G-G-GA-A-T-TAGC	-A-G-G-TA-C-C
A2.LD.97.97LDR1B48	-A	-AA	AGT-G-C-A-T-T-C-A-T-A-G-G-GA-A-T-TAGC	-G-G-TA-C-C
A2.CM.01.01CM.1445MV	-A	-AA	TG-G-C-A-T-T-C-A-T-A-G-G-GA-A-T-TAGC	-G-G-TA-C-C
A2.CY.94.94CY017_41	-A	-AA	TG-G-C-A-T-T-C-A-T-A-G-G-GA-A-T-TAGC	-G-G-TA-C-C
B.AR.04.04AR143170	-W C	-A	A-GGA-G-C-A-T-C-R-A-G-G-AAG-T-A-C-GAM-G-T-A-	-A-C-R-C
B.AU.04.PS1038.Day174	-T	-A	R-G-G-AA-T-C-R-A-G-G-AAG-T-A-C-GAM-G-T-A-	-A-C-R-C
B.BE.06.06MB10B0061	-T	-T	T-G-G-A-T-A-T-C-A-G-G-A-C-T-A-C-A-G-T-A-	-A-C-A-G-C
B.CA.07.507_1191_03	-G	-GGG	GGG-A-G-G-A-T-C-C-A-A-G-G-A-C-T-AA-C-T-	-G-C-A-T
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408	-A	-A	A-TG-C-C-A-T-C-G-A-G-G-T-G-T-TAA-G-G-A-T-	-A-G-G-T-A-C
B.CN.10.DEMB10CN002	-A	-TAT	B.CN.10.DEMB10CN002	-A-G-G-T-A-C
B.CO.01.PCM001	-A	-TAT	TAT-G-G-A-T-C-C-A-A-G-G-A-C-T-AA-C-T-	-G-C-A-T
B.CU.99.Cu19	-A	-TAT	TA-A-A-T-C-C-A-A-G-G-A-C-T-AA-C-T-	-G-C-A-T
B.CY.69.CY266	-A	-TAT	AGT-GCA-A-T-T-A-G-GAA-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131	-T	-TAT	T-T-A-T-C-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.DK.07.PMVL_011	.AA	-A	ACT-G-A-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.DO.05.05DO_160884	-A	-AG	TT-C-G-AA-T-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.ES.09.P2149_3	-AA	-AGT-G-C	A-G-A-T-C-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.FR.08.DEMB08FR002	-G A	-A	C-A-G-A-T-T-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.GE.03.03GEM2004	-A	-TAT	TAT-G-G-A-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.IB.05.05IB_129389	-A	-TAT	T-G-G-A-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.JM.01.JM.KJ108	-G	-TAGA	AGA-C-C-G-A-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.JP.05.DR6538	-G	-TAGA	TAGA-C-C-G-A-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.KR.07.07KYY4	-A	-TAT	TG-A-C-C-G-GA-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.NL.00.671_00T36	-T	-TAT	T-G-GA-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.PE.07.502_2649.w08	-T	-TAT	T-T-A-C-A-A-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.PY.03.03PY_PSP0115	-A	-TAT	T-T-C-C-AA-T-T-A-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.RU.11.1IRU21n	-A	-T	TG-C-C-A-A-T-C-A-C-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.TH.07.AA040a_WG11	-T	-TA	TA-G-A-T-T-C-A-C-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.TT.01.01TT_CRC50069	-T	-TAT	AGTA-T-G-GA-T-T-C-A-C-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.TW.94.TWCYS_LM49	-A	-TAT	TG-G-A-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.UA.01.01UAUVK167	-A	-TAT	GA-G-A-T-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.US.02.ES38	-A	-TAT	GGG-G-A-T-C-C-AC-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.UY.02.00UY_TSU1290	-A	-TAT	TAA-G-G-A-T-C-C-GA-C-T-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.VD.10.DEMB10VDE001	-A	-TAT	G-G-A-T-C-C-A-A-T-CA-C-A-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
B.YE.02.02YE507	-T	-TAT	T-T-C-C-AA-T-T-A-C-C-A-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-T
C.AR.01.AR4086	-A	-TA	TA-G-A-T-C-C-A-C-I-T-T-T-GA-AC-T-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.AR.07.DEM07BR003	-C	-GG	CG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.BN.00.00WVH621	-AA	-TAT	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.CN.08.YNRL9840	-AA	-TAT	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.CY.89.CY268	-AAA	-TAT	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.ES.67.X2118_2	-AAA	-AC	AC-G-T-G-A-T-C-C-I-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.ET.02.02ET_288	-AA	-GG	G-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.GE.03.03GEM2033	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.IL.98.98IS002	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.IN.03.D24	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.KE.00.KER2010	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.MM.99.mIDU101_3	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.MW.93.93MW_965	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.SN.90.90SE_364	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.SO.89.89SM_145	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.TZ.02.507	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.UV.00.98UC_MSC2018	-A	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.UV.01.TRA3011	-AA	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.YE.02.02YE511	-AA	-GG	GG-G-A-T-C-C-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.ZA.18.DEMC10ZA001	-T	-GG	TG-T-G-A-T-C-C-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
C.ZM.02.02ZM108	-AA	-GG	G-C-A-T-C-A-T-A-G-G-GT-T-T-GA-AC-T-T-AAG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
D.CD.18.ELI	-A	-A	A-TG-C-G-A-T-C-C-A-C-I-T-T-GA-AC-T-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
D.CM.10.DEMD10CM009	-A	-A	GGG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
D.CY.06.CY163	-T	-A	GGG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
D.KE.07.ML415_2	-T	-A	GGG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
D.KR.04.04KBH8	-G	-A	TACA-G-G-A-T-C-C-A-C-I-T-C-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
D.SN.90.SE365	-G	-A	GGG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
D.TD.99.MN911	-G	-A	GGG-G-A-T-C-C-A-C-T-T-GT-C-A-AC-T-AGG-GC-G-C-A-T-A-C-	-G-G-C-A-T-A-C-C
D.TZ.01.A280	-C	-A	A-TG-T-C-C-A-C-T-C-A-C-A-G-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
D.UG.08.p191859	-C	-A	TG-C-C-A-C-T-C-A-C-A-G-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
D.YE.02.02YE516	-C	-A	TT-C-C-A-C-T-C-A-C-A-G-A-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
D.ZA.90.R1	-A	-TGT	TGT-C-G-A-T-T-A-C-A-G-T-G-T-G-C-T-A-C-T-AGG-GC-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.AO.06.AW_06.ANG125	-A	-TAC	TG-GGA-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.AR.02.ARE933	-A	-GG	GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.BE.93.VI850	-A	-GG	GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.BR.07.07BR844	-A	-TAT	GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.CI.08.08CI08	-A	-TAT	GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.FS.09.DEMF110E5001	-A	-TAT	GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.FI.93.FIN9363	-A	-TAT	GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.FR.96.96FR_MP411	-A	-TAT	GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.RO.96.BCI_R07	-C	-A	TG-C-C-A-C-T-C-A-C-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F1.RU.08.D88_845	-C	-A	TG-C-C-A-C-T-C-A-C-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F2.CM.10.DEMF210CM007	-A	-TAT	TG-C-C-A-C-T-C-A-C-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
F2.CM.97.CM53657	-A	-TAT	TG-C-C-A-C-T-C-A-C-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
G.BE.96.DRCBL	-GG	-TAT	A-TG-G-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
G.CM.10.DEMG10CM008	-GG	-TAT	TG-G-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
G.CN.08.GX_2084_08	-GG	-TAT	GG-G-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
G.CU.99.Cu74	-GG	-TAT	GG-G-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
G.ES.09.X2634_2	-GG	-TAT	GG-G-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
G.GH.93.03GH175G	-A	-TAT	GG-G-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
G.KE.93.HH8793_12_1	-A	-TAT	GG-G-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C
G.NG.09.09NG_SC62	-A	-TAT	GG-G-G-A-T-T-C-A-C-A-A-G-G-G-T-T-AA-C-A-G-C-A-T-	-A-C-G-C-A-T-A-C-C

B.FR.83.HXB2TCT...CTG.....	GAACAGATTTGGAATCACAGGACCTGGATGGGGAGCAGAAAATTAAACATTACAAAGCTTAATACACTCTTAATTGAAGAATCGAAAACCAGCAAGAAAAAGAATGAAAGAATTATTGGAAT	8211	
Env	S L	E O I W N H T W M E F W D R E I N N Y S L I H S L I T E E S Q N Q O E K N E O E L L E		
G.PT.X.PT3306	-A -AT	TT C -GA -CTA -G -AC A -A -G -G -T CAAGA -T AA C -C -T G -C -G -C -C -TC -	8187	
G.SE.93.SE6165_G6165	TAT	A -TG A -G -CA -T -I -A C -GATGA -T AGA -GC -TC -G -C -C -A C -C -TC -	7629	
H.BE.93.VI991	-A -A	TG A -G -CA -T -I -A C -GAGGA -T AGG -GC -TC -G -C -C -A C -C -TC -	7610	
H.CF.90.056	-A -A	CTG A -G -CA -T -I -A C -GAGGA -T AGG -GC -TC -G -C -C -A C -C -TC -	7525	
H.GB.00.00GBAC4001	-C .TAT	AGTG A -C -G -CA -T -I -A C -GAGGA -T AGG -GC -TC -G -C -C -A C -C -TC -	7530	
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-C .TAT	RMTR A -G -WA -T -T -A C -GAGGA -T AGG -GC -TC -G -C -C -A C -C -TC -	7719	
J.CM.94.04CMU1422	-C .AT	TG C -G GAA -T AC A -G -G -AA -T AATC -G T -A G -A -A -C -C -C -C -	7414	
J.SE.93.SE9288_7887	-C .AT	GG C -G GA -T AC A -A -G -G -AA -T AATC -G T -A G -A -A -C -C -C -C -	7737	
J.SE.94.SE9173_7022	-C .TAT	GG C -G GA -T AC A -A -G -G -AA -T AATC -G T -A G -A -A -C -C -C -C -	7518	
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-A	AGTG G -G -GA -T C -A -AG -G -GT -C T -AC -T TAGG -G -T -A G -A -C -C -	7325	
K.CM.96.96CM.MP535	-G	TG G -G -CA -I -A A -G -GG -T GA -AC -T IAAG -A -C -G -A -C -C -C -	7371	
01 AE_AF.07.569N	TAT	G T -CA T -C A -CA -A -G -GT -A CA -T TG GC -C -AC -A -GG -G -C -GA -	7402	
01 AE_CN.09.1119	TAT	G T -CA T -C A -A A -G -GT -A CA -T TG AGA -C -AC -A -GG -G -C -GA -	7433	
01 AE_HK.04.HK001	TAT	G A -CA T -T A -CAC A -G -G -GA -A -TG TA -C -AC -A -GG -G -C -GA -	7572	
01 AE_JP.x.DR8492	TAT	G A -CA T -T A -G A -A -G -G -GA -A -TG TA -C -AC -A -GG -G -C -GA -	8231	
01 AE_TH.04.TH04	TAT	G G -G A T -T A -A A -G -G -GA -A -TG TA -C -AC -A -GG -G -C -GA -	8109	
01 AE_TH.09.AA111a_WG11	TAT	G G -G A T -T A -A A -G -G -GA -A -TG TA -C -AC -A -GG -G -C -GA -	8164	
01 AE_VN.98.CM240	TAT	G G -G A T -T A -A A -G -G -GA -A -TG TA -C -AC -A -GG -G -C -GA -	7764	
01 AE_VN.98.98VNND15	TAT	G G -G A T -T A -A A -G -G -GA -A -TG TA -C -AC -A -GG -G -C -GA -	7481	
02 AG_CM.08.DE00208CM001	A .TAT	AGTG C -G -GA -T C C -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7642	
02 AG_ES.06.P1261	A .TAT	-GTG C -G -GA -T C C -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7649	
02 AG_FR.91.D1263	A .TAT	A -TG C -G -GA -T C C -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7586	
02 AG_GH.03.03GH181AG	AG .TAC	A -TA C -G -CA -A -T -C A -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8252	
02 AG_LR.x.POC44951	A .TAT	C -TG C -G -GA -T C T -A -C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8182	
02 AG_NG.x.IBN	A .TAT	A -TG C -G -CA -A -G -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7717	
02 AG_SN.98.98SE.MP1211	A .TAT	A -GG C -G -GA -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7416	
02 AG_US.05.052_2696.FL01	A .TAT	-TG C -G -CA -A -G -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7396	
02 AG_UZ.02.02UZ0683	A .TAT	-TG C -G -CA -A -G -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7411	
03 AB_RU.97.0753_2	C	-TG C -G -CA -A -G -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7388	
04 DE_CV.94.040632_3	C	-TG C -G -CA -A -G -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7381	
05 DP_BE.x.VII310	C	-TG C -G -CA -A -G -A -T -C C -A -T -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7617	
06 CPX_AU.96.BFP90	A .TAT	-TG C -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8259	
07 BC_CN.98.98CN09	A .TAT	-TG C -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7533	
08 BC_CN.06.nx2	A .TAT	-TG C -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8167	
09 CPX_GH.96.96GH2911	A .TAT	-TG C -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7383	
10 CD_TZ.96.96TZ.BF061	A .TAT	-GGG A -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7563	
11 CPX_CM.95.95CM.1816	A .TAT	-GGG A -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7610	
12 BF_AR.99.ARMA159	A .TAT	-GGG A -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8176	
13 CPX_CM.96.96CM.1849	A .TAT	-GGG A -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7636	
14 BG_ES.05.X1870	A .TAT	-GGG A -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7693	
15 01B_TH.99.99TH.MU2079	A .TAT	-GGG A -G -GA -A -T -A -A -G -T -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7583	
16 AD_KR.99.97KR004	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7577	
17 BF_AR.99.ARMA138	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8000	
18 CPX_CU.99.CU76	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7519	
19 CPX_CU.99.CU7	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7277	
20 BG_CU.99.Cu103	A .TAT	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7645	
21 A2D KE.99.KER2003	A .TAT	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7403	
22 01A1_CM.01.01CM.0001BBY	A .TAT	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7378	
23 BG_CU.03.CB118	A .TAT	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7639	
24 BG_ES.08.X2456_2	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7662	
25 CPX_CM.02.1918LE	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7410	
26 AU_CD.02.02CD.MBTB047	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8199	
27 CPX_FR.94.04CD.FR_KZS	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8210	
28 BF_BR.99.BREPM12699	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7612	
29 BF_BR.01.BREPM16704	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7656	
31 BC_BR.04.04BPM142	A .TAC	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7661	
32 CPX_ES.01.01ES.01	A .TAT	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7897	
33 01B_ID.97.JKT189_C	A .TAT	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	5053	
34 01B_TH.99.OUR2478P	A .TAT	-TG C -G -CA -T -T -C A -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7377	
35 AD_AF.07.169H	A .TAT	-TAGC A -G -AA -T -C C -A -T -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7393	
36 CPX_CM.00.00CMNYU830	A .TAT	-TAGC A -G -AA -T -C C -A -T -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7408	
37 CPX_CM.00.00CMNYU926	A .TAT	-TAGC A -G -AA -T -C C -A -T -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7393	
38 BF1_UY.03.UY03.3389	A .TAT	-TAGC A -G -AA -T -C C -A -T -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7607	
39 BF_BR.04.04BRJ179	A .TAT	-TAGC A -G -AA -T -C C -A -T -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7661	
40 BF_BR.05.05BRRJ055	A .TAT	-TAGC A -G -AA -T -C C -A -T -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7708	
42 BF_LU.03.LuB7_05_03	A .TAT	-TG R -GG A -G -GA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7673	
43 02G_SA.03.J11223	A .TAT	-TG R -GG A -G -GA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7694	
44 BF_CL.09.CH80	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7626	
45 CPX_FR.04.04FR.AR.UJK	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	8170	
46 BF_BR.07.07FB.FPS625	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7587	
47 BF_ES.08.P1842	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7438	
48 01B_ID.97.07.07MYKT021	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7431	
49 CPX_GM.03.N26677	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7661	
51 01B_SG.11.11SG.HM021	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7638	
52 01B_My.03.03MYKL018_1	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7402	
53 01B_My.11.11FIR164	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7527	
54 01B_My.09.09MSB023	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7619	
55 01B_CN.10.HNCS102056	A .TAT	-GG G -G GGA -T -C C -A -G -G -GA -A -TG AGC -C -AC -A -GG -	7533	
0.BE.87.ANT70	-AGC	-AGC -G -CAC -TTA -A -CA -A -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	8258	
0.CM.91.MVP5180	-AGC	-AGC -G -CAC -TTA -A -CA -A -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	8284	
0.CM.98.98CM104	-AGGACTA	-AGGACTA -G -A -C -G -GA -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	7762	
0.FR.92.VAU	-AGGACTA	-AGGACTA -G -A -C -G -GA -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	7824	
0.SN.99.99SE_MP1299	-AGGACTA	-AGGACTA -G -A -C -G -GA -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	8326	
0.US.10.LTPN	-AGGACTA	-AGGACTA -G -A -C -G -GA -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	8182	
0.US.97.97US08692A	-AGGACTA	-AGGACTA -G -A -C -G -GA -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	8219	
N.CM.02.DJ00131	-AGC	-AGC -G -CAC -TTA -A -CA -A -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	7638	
N.CM.04.04CM.1015_04	-AGC	-AGC -G -CAC -TTA -A -CA -A -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	7616	
N.CM.06.U14842	-AGC	-AGC -G -CAC -TTA -A -CA -A -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	7684	
N.CM.95.YBF30	-AGC	-AGC -G -CAC -TTA -A -CA -A -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	7762	
N.CM.97.YBF106	-AGC	-AGC -G -CAC -TTA -A -CA -A -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	7717	
N.FR.11.NI.FR.2011	-AGC	-AGC -G -CAC -TTA -A -CA -A -T -C C -G -G -A -G -G -G -C -G -	7544	
P.CM.06.U14788	-AA	-AA	-AA	7769
P.FR.09.RFB168	-AA	-AA	-AA	8309
CPZ_CD.06.BF1167	-AA	-AA	-AA	8372
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	-AA	-AA	-AA	7723
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	-AA	-AA	-AA	8251
CPZ_US.85.US_Marilyn	-AA	-AA	-AA	7861

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

		Env gp41 transmembrane domain	Tat Rev intron end	Tat Rev exon 2 start
B.FR.83.HXB2	Rev exon 2	TAGATAATGGCAAGTTGTGAATTGTTAACATAACAAATTGGCTGTTATATAAATTTCATAATGATAGTAGGAGGCTTGGTAAAGAATAGTTTGCTGTACTTCTATAGTAATAGTTAGGCAGGGATTACCAATTATCGTTGACCC 8381	N	P
A1.CH.06.X2110	Tat exon 2	-G-C-G-T-A-C-G-A-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7619
A1.ES.06.06KECst 001	Env	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7619
A1.RU.11.11RU6950	L_D_K_W_A_S_L_W_N_W_F_N_I_T_N_W_L_W_Y_I_K_L_F_I_M_I_V_G_G_L_V_G_L_R_I_V_F_A_V_L_S_I_V_N_R_V_R_Q_G_Y_S_P_L_S_F_Q_T	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8401
A1.TZ.01.A341	A1.UG.07.D191845	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7632
A1.UA.01.01UAADN139	A1.ZD.04.DEMB162B1	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7908
A2.CD.07.pR463F	A2.CM.01.01CM 1445MV	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8387
A2.CY.94.94CY017 41	A2.CY.97.97CY017	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7555
B.AR.04.04AR143170	B.AR.04.04AR143170	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7557
B.BR.06.06BR1119	B.CA.07.502_1191_03	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8480
B.CN.04.HIV-CH_BID_V4408	B.CN.10.DEMB10CN002	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7836
B.CO.01.PCM001	B.CO.01.PCM001	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7757
B.CU.99.Cu19	B.CY.99.CY266	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7564
B.DE.04.HIV-DE_BID_V4131	B.DK.07.PMV1 011	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7597
B.DO.05.05DO_160884	B.DO.05.05DO_160884	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7669
B.E5.99.P2149_3	B.E5.99.P2149_3	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7549
B.GE.08.DEMB08FR002	B.GE.08.DEMB08FR002	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7803
B.HT.05.05HT_05HT2004	B.HT.05.05HT_05HT2004	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7796
B.JM.05.05JM_KJ108	B.JM.05.05JM_KJ108	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7605
B.JP.05.DR6538	B.KR.07.07KY4	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8414
B.NL.99.671_00T36	B.NL.99.671_00T36	-G-C-G-G-C-C-G-T-A-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8043
B.PE.07.502_2649_w08	B.PY.03.PSP0115	-A-C-C-G-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7942
B.RU.11.11RU21n	B.TH.07.07AA040a_WG11	-A-C-C-G-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7576
B.TT.01.01TT_CRC50669	B.TT.01.01TT_CRC50669	-A-C-C-G-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7909
B.TW.94.TWCYS_LM49	B.TW.94.TWCYS_LM49	-A-C-C-G-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7714
B.UA.01.01UKV167	B.UA.01.01UKV167	-A-C-C-G-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7612
B.US.11.5539	B.US.12.82UY_TSU1290	-A-C-C-G-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8352
B.VE.02.DEMB10VE001	B.VE.02.DEMB10VE001	-A-C-C-G-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7645
B.YE.02.02YE507	B.YE.02.02YE507	-A-C-C-G-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7633
C.AR.01.ARG4006	C.AR.01.ARG4006	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7545
C.BR.07.DEMC07BR003	C.BR.07.DEMC07BR003	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7612
C.BW.00.00BW07621	C.BW.00.00BW07621	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7612
C.CN.98.YNRL9840	C.CN.98.YNRL9840	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7582
C.CY.99.CY266	C.CY.99.CY266	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7616
C.ES.07.X2118_2	C.ET.02.02ET_288	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7766
C.GE.03.03GEMZ033	C.GE.03.03GEMZ033	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7572
C.IL.98.98IS002	C.IL.98.98IS002	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7803
C.IN.03.D24	C.IN.03.D24	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7716
C.KE.00.KER2010	C.KE.00.KER2010	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8452
C.MM.99.mIDU101_3	C.MM.99.mIDU101_3	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7570
C.MW.93.93MW_965	C.MW.93.93MW_965	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7740
C.SD.30.93SE_364	C.SD.30.93SE_364	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7556
C.SO.07.89SO_1445	C.SO.07.89SO_1445	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7567
C.TZ.02.50178	C.US.98.MSC3018	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7585
C.US.98.98US_MSC3018	C.US.98.98US_MSC3018	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7504
C.YE.02.02YE511	C.YE.02.02YE511	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7558
C.ZA.02.DEMC16ZA001	C.ZA.02.DEMC16ZA001	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7573
C.ZM.02.02ZM108	C.ZM.02.02ZM108	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7713
D.CD.83.ELI	D.CD.83.ELI	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8418
D.CM.10.DEMD10CM009	D.CM.10.DEMD10CM009	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7917
D.CY.06.CY163	D.CY.06.CY163	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7719
D.KE.97.ML415_2	D.KE.97.ML415_2	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7853
D.KR.04.04KBH8	D.KR.04.04KBH8	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8294
D.SN.90.SE365	D.SN.90.SE365	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8379
D.TD.99.MN001	D.TD.99.MN001	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-G-A-A-	7571
D.TZ.01.A280	D.TZ.01.A280	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7569
D.UG.08.08191859	D.UG.08.08191859	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8389
D.YE.02.02YE516	D.YE.02.02YE516	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7561
D.ZA.90.R1	D.ZA.90.R1	-G-C-G-G-C-A-C-G-G-T-C-A-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7735
F1.AO.06.06 AO_06 ANG125	F1.AR.02.ARE933	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7444
F1.BE.97.1838	F1.BE.97.1838	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7651
F1.BY.07.07R844	F1.CY.98.CY22	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8158
F1.CY.98.CY22	F1.ES.11.DEMF110E5001	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8150
F1.ES.11.DEMF110E5001	F1.FI.93.FIN9363	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7547
F1.FI.93.FIN9363	F1.FR.96.96FR_MP411	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7689
F1.FR.96.96FR_MP411	F1.RO.96.BCI_R07	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7677
F1.RU.08.D88_845	F1.RU.08.D88_845	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7548
F2.CM.10.DEMF210CM007	F2.CM.97.CM53657	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7867
F2.CM.97.CM53657	G.BE.96.DRCBL	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8320
G.CN.10.DEMG10CM008	G.CN.10.DEMG10CM008	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7744
G.CN.08.GX_2084_08	G.CU.99.Cu74	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7614
G.CU.99.Cu74	G.E.S.09.X2634_2	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8000
G.E.S.09.X2634_2	G.GH.03.GH87175G	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	8427
G.GH.03.GH87175G	G.GE.93.HH8793_12_1	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7751
G.NG.09.09NG_SC62	G.NG.09.09NG_SC62	-G-C-G-G-C-C-C-T-C-G-A-C-A-G-A-C-T-G-A-	C-C-T-G-A-	7560

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

		Tat premature stop in HXB2	Tat end	
B.FR.83.HXB2	Rev exon 2	CACCTC...CCAACCCCCG...AGGGGA...CCCGACGCCGAAGGAATAAGAAGAGGTGGAGAGAGAGACAGACATTCATTGATTACTGACGGATCTTGCCTTGCCATTCTATCTGGGACGATCTCGGAGCCTGTCAGCTACCACCGCTTGAGAGA	8542	
Tat exon 2		P P - P N P - E G D - T P R O A R N P R R V R E R O R O I T E T E D P F D * S I R L V N G S L A L I W D D L R S L C L F S Y H R L R D		
Env		H - T - S - P T P - R G - P D R P E G I E E G G E R D R D R S I R L V N G S L A L I W D D L R S L C L F S Y H R L R D		
A1.AU.03.PS1044 Day0		-TAC-----A-A-GA-----T-----A-G-A-CC-----CA-G-----G-----G-T-----A-A-GC-----C-----A-----7780		
A1.CH.03.X2110 CH-BID_V3538		-TAC-----A-A-GA-----T-----A-G-A-C-----CA-G-----G-----G-----G-----T-----A-A-GC-----C-----A-----7780		
A1.ES.06.X2110		-TTAC----A-A-GA-----T-----A-G-A-C-----CA-G-----G-----G-----G-----T-----A-A-GC-----C-----A-----8562		
A1.IT.02.60000		-TTAC----A-A-GA-----T-----A-G-A-C-----CA-G-----G-----G-----G-----T-----A-A-GC-----C-----A-----8562		
A1.KE.06.06KEcs001		-CTAC----A-A-AA-CA-AT-----T-----AG-A-C-----ACA-G-----G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----7793		
A1.RU.11.11RU6950		-TTAC----A-A-GA-----T-----A-G-A-CAGC-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----8069		
A1.RW.07.pR463F		-TTAC----A-A-GA-----T-----T-----G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----8548		
A1.SE.95.SE8538		--AC-----A-A-G-AT-----T-----G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----7759		
A1.TZ.01.A341		-TAC-----A-A-G-A-----T-----AG-A-C-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----7716		
A1.UA.01.01UDADN139		-TTAC----A-A-GA-----T-----A-G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----7738		
A1.UG.07.D191845		--A-A-G-I-----T-----G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----A-----8641		
A1.ZA.04.DEMB08ASK162B1		--A-A-GA-----T-----G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----A-----7597		
A2.CD.07.976208		-CTAC----A-A-GA-----T-----G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----7742		
A2.CM.01.01CM.1445MV		-CTAC----C-G-A-GA-----T-----A-G-A-CA-----CA-G-----G-----G-----T-----A-A-G-GC-----C-A-----7747		
A2.CY.94.94CY01741		-CTAC----G-A-GA-----T-----AG-----CA-G-----G-----G-----T-----A-G-GC-----C-A-----7914		
B.AR.04.04AR143170		G-GA-----A-----CC-----AG-G-----A-----GG-T-----C-T-----T-----A-K-CG-----CT-A-----GT-----C-----7718		
B.AR.04.DS1038 Day174		G-YAG-----A-----C-----C-----A-G-----GG-T-----C-GT-----T-----A-K-CG-----CT-A-----GT-----C-----7752		
B.BQ.09.DEMB09B0001		G-----A-----G-----C-----A-G-----GG-T-----C-GT-----T-----A-K-CG-----CT-A-----GT-----C-----7901		
B.BR.06.06BR11119		G-C-----G-----G-----CC-----G-----C-----AGG-T-GC-----C-C-----T-----A-A-G-----AT-----C-A-----A-----GA-----7973		
B.CA.07.5021191_03		G-G-----G-----C-----G-----C-----G-----GG-----C-----CT-----C-----T-----A-A-C-----T-----C-----A-----GA-----7989		
B.CH.04.HIV-CH-BID_V4408		G-----G-----C-----G-----C-----G-----GG-----C-----CT-----C-----T-----A-A-C-----T-----C-----A-----GA-----7758		
B.CN.10.DEMB10CN002		G-----G-----G-----G-----G-----GG-----C-----CT-----T-----A-G-G-C-----C-----A-----T-----T-----A-----7725		
B.CO.01.PCM001		G-----G-----G-----G-----GG-----C-----CT-----T-----A-G-G-C-----C-----A-----T-----T-----A-----7725		
B.CU.99.Cu19		G-AA-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----CT-----T-----A-A-C-----T-----C-----A-----CT-----TC-----7810		
B.CY.09.CY266		G-GA-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----CT-----T-----A-A-C-----T-----C-----A-----TC-----7758		
B.DE.04.HIV-DE-BID_V4131		G-T-----G-----A-----G-----A-----CC-----GACA-----C-----CT-----T-----A-A-C-----T-----G-----AAC-----A-----G-----7830		
B.DK.07.PMV1_011		G-T-----G-----A-----G-----A-----CC-----GACA-----C-----CT-----T-----A-A-C-----T-----G-----AAC-----A-----G-----7975		
B.DO.05.05DO.160884		G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----GG-----C-----CT-----T-----A-A-C-----T-----G-----AAC-----A-----G-----7710		
B.E5.09.P2149_3		G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----GG-----C-----CT-----T-----A-A-C-----T-----G-----AAC-----A-----G-----7964		
B.E8.08.DEMB08FR002		G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----GG-----C-----CT-----T-----A-A-C-----T-----G-----AAC-----A-----G-----7857		
B.GE.07.07DMB07M2004		G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----GG-----C-----CT-----T-----A-A-C-----T-----G-----AAC-----A-----G-----7733		
B.HT.05.05HT.05389		G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----GG-----C-----CT-----T-----A-A-C-----T-----G-----AAC-----A-----G-----7743		
B.JM.05.05JM.KJ108		G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----GG-----C-----CT-----T-----A-A-C-----T-----G-----AAC-----A-----G-----8578		
B.JP.05.DRM6538		TTA-----GT-----T-----CCA-----C-----G-----AG-----G-----AGT-----G-----GGAGT-----G-----GG-----C-----GGT-----T-----AA-A-T-CG-----T-----C-----A-----8204		
B.KR.07.07KY4		G-----G-----T-----A-G-----C-----G-----AG-----G-----AGT-----G-----GGAGT-----G-----GG-----C-----GGT-----T-----AA-A-T-CG-----T-----C-----A-----8103		
B.NL.00.671_00T36		G-----G-----T-----A-G-----C-----G-----AG-----G-----AGT-----G-----GGAGT-----G-----GG-----C-----GGT-----T-----AA-A-T-CG-----T-----C-----A-----8070		
B.PE.07.5022649_w08		C-T-----G-----G-----T-----A-G-----C-----G-----AC-----G-----AGAA-----TA-----G-----T-----A-----T-----AT-----C-----A-----A-----T-----A-----7737		
B.PY.03.03PY_PSP0115		G-----G-----T-----A-----G-----C-----C-----G-----AC-----G-----AGAA-----TA-----G-----T-----A-----T-----AT-----C-----A-----A-----T-----A-----8070		
B.RU.11.11RU21n		G-----G-----T-----A-----G-----C-----C-----G-----CAC-----G-----GAGA-----T-----G-----T-----A-----T-----AT-----C-----A-----A-----T-----A-----7875		
B.TH.07.0A040a.WG11		G-----G-----T-----A-----G-----C-----C-----G-----CAC-----G-----GAGA-----T-----G-----T-----A-----T-----AT-----C-----A-----A-----G-----7773		
B.TT.01.01TT.CRC50669		T-----G-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----CAC-----G-----GAGA-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----CGC-----C-----G-----A-----833		
B.TW.94.TWCYS.LM49		T-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----CA-----G-----GAA-----C-----G-----T-----A-----A-C-----T-----T-----C-----A-----8706		
B.UA.01.01UAKV167		G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----CC-----G-----GAGA-----C-----CT-----T-----A-----A-C-----T-----T-----C-----A-----8494		
B.UJ.11.5539		G-----G-----T-----A-----C-----C-----G-----CC-----G-----GAGA-----C-----CT-----T-----A-----A-C-----T-----T-----C-----A-----8476		
B.UV.02.02UV.TSU1290		G-----G-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----C-----A-----CA-----C-----CT-----T-----A-----A-C-----T-----T-----C-----A-----8070		
B.VE.00.00DEM10VE001		G-----G-----C-----G-----A-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----AGGA-----T-----C-----T-----A-----A-----AG-----C-----A-----T-----GG-----G-----A-----7923		
B.YE.02.02YE507		G-----G-----C-----G-----A-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----A-----CA-----C-----CT-----T-----A-----A-----AG-----C-----A-----T-----GG-----G-----A-----7773		
C.AR.01.ARG4006		TTA-----A-----A-----A-G-G-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----AT-----GC-----C-----A-----G-AA-----A-----G-----7733		
C.BR.07.DEMC07BR003		TTA-----G-----A-----A-----G-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----AT-----GC-----C-----A-----G-----7964		
C.BW.00.00BW07621		TTA-----G-----A-----A-----G-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----AT-----GC-----C-----A-----G-----7877		
C.CN.98.YNRL9840		TTAC----G-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----CA-----A-----A-G-----G-----T-----A-----GC-----C-----A-----A-----7743		
C.CY.09.CY266		TTA-----A-----A-----G-----T-----C-----T-----AA-----CA-----C-----AGAGAC-----A-----A-T-----C-----T-----A-T-G-G-TG-----TGG-----C-----C-----AGC-----T-----TTT-----G-----GAG-----7777		
C.ES.07.X2118_2		TTA-----G-----A-----A-----T-----A-----C-----R-----CA-----A-----R-----K-----G-----G-----T-----AT-----MA-----GC-----C-----M-----T-----A-----7927		
C.ET.02.02ET.288		TTAC----A-----A-----A-----T-----AG-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----AT-----GC-----C-----A-----G-----7747		
C.GE.03.03GEMZ033		TTAC----G-----A-----A-----A-----T-----AG-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----AT-----GC-----C-----A-----G-----7749		
C.IL.98.Z081002		TTA-----A-----A-----A-----T-----AG-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----AGT-----GC-----C-----A-----G-----7870		
C.IN.03.D24		TTAC----G-----A-----A-----G-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----A-----GC-----C-----A-----G-----8613		
C.KE.00.KER2010		TTAC----G-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----CA-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----GC-----C-----A-----7731		
C.MM.99.mIDU101_3		TTAC----G-----A-----A-----GA-----T-----AG-----C-----CA-----A-----AG-----G-----T-----A-----GC-----C-----A-----7901		
C.MW.93.93MW.965		TTAC----A-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----GC-----C-----A-----7717		
C.SD.30.90SE.364		TTAC----A-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----GC-----C-----A-----7687		
C.SO.07.07SO.0745		TTAC----A-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----GC-----C-----A-----7748		
C.TZ.02.020178		TTAC----G-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----GC-----A-----C-----7746		
C.US.98.98US.MSC3018		TTAC----A-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----AC-----GC-----C-----T-----CT-----A-----7665		
C.UY.01.TRA3011		TTAC----G-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----AC-----GC-----C-----T-----CT-----A-----7719		
C.YE.02.02YE511		TTAC----A-----A-----T-----A-----T-----G-----C-----CA-----A-----G-----G-----T-----A-----TG-----G-----A-----C-----7734		
C.ZA.10.DEMC10ZA001		T-AA-----A-----A-----T-----A-----C-----CA-----G-----A-----CA-----GC-----G-----T-----C-----GC-----C-----A-----7874		
C.ZM.02.02ZM108		TTA-----A-----A-----T-----A-----C-----CA-----G-----G-----CA-----G-----T-----A-----A-----GC-----A-----A-----T-----G-----A-----8579		
D.CD.83.ELI		T-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8078		
D.CM.10.00DEM10CM009		T-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8780		
D.CY.06.CY163		T-----G-----AT-----C-----CCC-----C-----G-----C-----CA-----G-----AG-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7755		
D.KE.97.ML415_2		T-----GT-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8014		
D.KR.04.04KBH8		C-T-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8455		
D.SN.90.SE365		T-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8540		
D.TD.99.MN011		T-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7732		
D.TZ.01.A280		T-----G-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8550		
D.UG.08.0191859		T-----G-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7722		
D.YE.02.02YE516		T-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8986		
D.ZA.90.R1		T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7605		
F1.AO.06.OA.06.ANG125		TTA-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7819		
F1.AR.02.ARE933		TTA-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8311		
F1.BE.97.97183		TTA-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7708		
F1.BY.07.07R844		TTA-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8780		
F1.CY.08.CY22		TTA-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8838		
F1.ES.11.DEMF10E5001		TTA-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7709		
F1.FI.93.FIN9363		TTA-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8596		
F1.FR.96.96FR.MP411		TTA-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8028		
F1.RO.96.BCI.R07		TTA-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7863		
F1.RU.08.D88.845		TTA-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7713		
F2.CM.10.10DEMFI210CM007		TTAC----G-----G-----A-----AC-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8481		
F2.CM.97.CM53657		TTAC----G-----G-----A-----AC-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7905		
G.BE.96.DRCBL		TT-----ACCA-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7775		
G.CM.10.10DEMGI0CM008		T-----AC-----ATCAG-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8161		
G.CN.08.GX.2084_08		T-----ACCA-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8019		
G.CU.99.Cu74		TTAC----ACCA-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----8588		
G.ES.09.X2634_2		TTAC----ACCA-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7912		
G.GH.03.03GH175G		TTAC----ACCA-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7721		
G.KE.93.HH8793.12_1		TTAC----ACCA-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7721		
G.NG.09.09NG_SC62		TT-----ACCA-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----7721		

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

Tat premature stop in HXB2 Tat end

B.FR.83.HXB2	CACCTC...CCAACCCCC...AGGGGA...CCCGACGCCGAAGGAATAAGAAGAAAGGTTGGAGAGAGAGACAGACATTCATTGATTAGTAACGGATCCTTGCCATTCTATCTGGGACGATCTGGGACGCCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGCTTGAGAGA	8542
Rev exon 2	P_P...P_N_P...E_G_D...T_P_R_O_A_R_N_R_P_R_R_W_E_R_O_R_O_I_T_L_V_N_G_S_L_A_L_I_W_D_D_L_R_S_L_C_L_F_S_Y_H_R_L_R_D	
Tat exon 2	-T_S...P_O_P_R...R_G...P_D_R_P_E_*K_K_V_E_R_O_T_E_T_D_P_F_D_*	
Env	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8518
G_PT.93.PT3306	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7960
G_SE.93.SE6165_G6165	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7941
H.BE.93.VI991	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7856
H.CF.93.VI997	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7861
H.CF.93.VI997	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8050
H.GB.90.00GBAC4001	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7745
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8068
J.CM.94.04CMU11421	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7549
J.SE.93.SE9280.7887	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7856
J.SE.94.SE9173.7022	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7856
K.CD.97.97.R.EQTB11	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7725
K.CM.96.96CM.MPS35	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7702
01.AE.AF.07.569N	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7733
01.AE.CN.09.1103	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7674
01.AE.HN.04.0001	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7603
01.AE.HP.04.DR0492	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8562
01.AE.TH.04.BKM	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8530
01.AE.TH.09_AA111a.WG11	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7978
01.AE.TH.09._CM240	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8095
01.AE.VN.98.98VNN15	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7812
02.AG.CM.08.DE00208CM001	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7973
02.AG.ES.06.P1261	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7980
02.AG.FR.91.D1263	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7917
02.AG.GH.03.03GH181AG	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8583
02.AG.NG.x.IBN6	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8048
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7747
02.AG.US.08.569_FL01	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7777
03.AR.RU.97.KAL1572	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7719
04.cpx.CY.94.94CY032_3	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7915
05.DF.BE.x.VII310	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7948
06.cpx.AU.96.BFP99	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8590
07.BC.CN.98.98CN009	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7864
08.BC.CN.06.nx2	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8498
09.cpx.GH.96.96GH2911	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7714
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7894
11.CP.CM.95.95CM.1816	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7941
12.BF.AR.99.ARMA159	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8507
13.CP.CM.96.96CM.1849	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7967
14.BG.ES.05.X1001	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8024
15.BG.TH.99.99TH.MU2079	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7014
A2D.KR.07.07KR004	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7908
17.BF.AR.99.ARMA038	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7731
18.cpx.CU.99.CU76	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7850
19.cpx.CU.99.CU7	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7605
20.BG.CU.99.CU103	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7976
21.A2D.KE.99.KER2003	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7734
22.01A.CM.01.01CM.0001BBY	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7709
23.BG.CU.03.CB118	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7970
24.BG.ES.05.X2456_2	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7993
25.cpx.CM.02.1918LE	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7741
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8530
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8541
28.BF.BR.99.BREPM12699	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7843
29.BF.BR.04.04BR014264	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7987
30.BF.BR.04.04BR014264	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7992
32.06A1.EE.01.EE0369	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8168
33.01B.ID.07.JKT189_C	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7834
34.01B.TH.99.OUR2478P	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7708
35.AD.AF.07.169N	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7724
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7742
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7724
38.BF.UY.03.UY03.3389	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7938
39.BF.BR.04.04BRRJ179	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	7992
40.BF.BR.05.05BRRJ055	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-G-AG-G-T-A-G-C-T-A-GCT	8039
42.BF.LU.03.LUBI.05.03	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8004
43.026.SA.03.01223	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8057
44.BF.CU.03.CH08	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8557
45.BF.FR.04.04FR.AUK	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8501
46.BF.BR.07.07BR.FFS625	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7918
47.BF.ES.08.P1942	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7959
48.01B.MY.07.07MKT021	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7753
49.cpx.GM.03.N26677	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7969
51.01B.SG.11.11SG.HM021	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7733
52.01B.MY.03.03MYK018_1	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7871
53.01B.MY.11.11FR164	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7861
54.01B.MY.09.09MYB023	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7950
55.01B.CN.10.HNC102056	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7864
56.BE.87.ANT70	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8589
0.CM.91.MVP5180	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8615
0.CM.98.98CMIA104	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8093
0.FR.92.VAU	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8155
0.SN.99.995E.MP1299	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8657
0.US.10.LTPN	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8513
0.US.97.97US08692A	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8079
N.CM.02.DJ00131	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7975
N.CM.04.04CM.1015_04	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7947
N.OJ.06.U14842	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8015
N.CM.95.YBF3	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8003
N.CM.95.YBF06	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8051
N.FR.11.N1.FR.2011	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	7875
P.CM.06.U14788	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8100
P.FR.09.RFB168	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8640
CPZ.CD.06.BF1167	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8703
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8054
CPZ.CM.98.GAB1	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8582
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8192
CPZ.US.85.US.Marilyn	-T_C...ACCA-A-A-A-A-A-C-G-C-CA-G-YC-G-AG-CW-G-T-A-AA-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-A-T-G-C-T-A-GCT	8550

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

		Rev end (TAA) in some lineages	Rev end
B.FR.83.XHB2		GGGTGGGAACCC.....	CTCAATATTGGGAATCTCTACAGTTGGACTAGGAACATAAGAATAGTGTGTTAGCTGC 8667
Rev exon 2		L T L D C N E D C G T S G T O	P Q I L V E S P T V L S G T K E N S A V S L
Env		L L L L I V T R I V E L L G R R	L K Y W W N L O Y W S Q E L K N S A V S L
A1.AU.03.PS1044 Day0		-C-C-G-C-A-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	G-C-T-G-T-GTA-G-G-GAGT-A-CT-T 7926
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538		-CG-C-G-C-A-.....-A-ACAGTCAGGAGCTGAGACTG	G-C-T-G-T-GTA-G-G-GAGT-A-CT-T 7879
A1.ES.02.60000		-CG-C-G-C-G-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	G-C-T-G-T-GTA-G-G-GAGT-A-CT-T 7926
A1.KE.06.06KEst_001		-CA-C-G-C-G-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	A-T-G-C-G-G-A-T-A-AT-G 7939
A1.RU.11.11RU6950		-CA-C-G-C-G-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	A-T-G-C-G-G-A-T-A-AT-G 8215
A1.RW.07.pR463F		-CA-C-G-C-G-A-CA-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	G-C-T-G-T-TTA-C-G-A-G-A-T-A-AT-G 7884
A1.SE.95.SE8538		-CA-C-TG-C-G-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	G-C-T-G-T-G-T-G-GAGT-A-CT-T 8694
A1.TZ.01.A341		-CA-CCG-C-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	G-C-T-G-T-G-T-G-GAGT-A-CT-T 7862
A1.UA.01.01UAADN139		-CA-A-CA-C-G-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	G-C-T-G-T-G-GAGT-G-G-A-C-A-T 8787
A1.UG.07.p191845		-CA-CCGA-C-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	G-C-T-G-T-G-GAGT-G-G-A-C-A-T 8787
A1.ZA.04.04ZASK16281		-CA-G-C-G-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	A-T-G-C-T-G-GAGT-G-G-A-C-A-T 8172
A2.CD.97.97CDTB48		T-GCA-C-G-C-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	A-T-G-C-T-G-GAGT-G-G-A-C-A-T 8098
A2.CM.01.11CM45MV		-CA-C-G-C-C-AC-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	A-T-G-C-T-G-GAGT-G-G-A-C-A-T 8043
A2.CY.94.94CY017141		T-GCA-A-C-G-C-.....-A-CAGTCAGGAGCTGAGACTG	GA-C-T-G-T-G-GAGT-G-G-A-C-A-T 8060
B.AR.04.04AR143170		-C-C-G-.....-T	C-C-G-A-R-R-RR-G-G-KR-T 7843
B.BJ.09.1038...Day174		-C-G-.....-CTY	R-R-RR-G-A-G-G-C-KR-T 7877
B.BG.09.DEMB0001		-A-C-G-.....-AT	G-A-G-G-C-KR-T 8026
B.BR.06.06BR1115		-C-G-.....-A-T	G-CCT-CA-T-G-A-G-A-G-G-C-KR-T 8098
B.CA.07.502.1191.03		-G-C-.....-TT	G-G-G-G-GA-G-G-C-C-G-G-C-KR-T 8114
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408		-G-A-.....-G-G-G-G-GA-G-G-C-C-G-G-C-KR-T 7883	
B.CN.10.06DEMB10CN002		-G-G-.....-GG	G-G-G-G-GA-G-G-C-C-G-G-C-KR-T 8043
B.CO.01.PCM001		-C-A-G-G-.....-GG	G-G-G-G-GA-G-G-C-C-G-G-C-KR-T 7850
B.CU.99.Cu19		-C-G-.....-CT	G-G-G-G-GA-G-G-C-C-G-G-C-KR-T 8234
B.CY.09.CY266		-C-G-.....-AT	A-G-T-G-A-G-G-G-A-C-A-T 7883
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131		-C-G-.....-CT	A-G-T-G-A-G-G-G-A-C-A-T 7955
B.DK.07.PMVL_011		-C-G-.....-G	G-G-G-G-GA-G-G-C-A-G-G-A-T 8100
B.DO.05.05DO.160884		-C-G-.....-G	G-G-G-G-GA-G-G-C-A-G-G-A-T 7835
B.ES.09.P2149_3		-C-G-.....-GAT	G-G-C-C-C-T-A-C-A-C-G-A-T 8089
B.FR.08.DEMB08FR002		-C-G-G-C-G-.....-CT	G-G-C-C-C-T-A-C-A-C-G-A-T 8082
B.GE.08.03GEM2006		-C-G-G-G-G-.....-G	G-G-C-C-C-T-A-C-A-C-G-A-T 7868
B.JP.05.05HT.1235389		-AC-G-C-G-G-G-.....-A	G-G-C-C-C-T-A-C-A-C-G-A-T 891
JM.05.05JM.KJ108		-AC-G-C-G-G-G-.....-T	G-G-C-C-C-T-A-C-A-C-G-A-T 7868
B.JP.05.DR6538		-T-G-C-G-G-G-.....-AT	G-G-C-C-C-T-A-C-A-C-G-A-T 8703
B.KR.67.07KY4		-G-G-.....-T	T-G-C-G-G-C-A-T 8329
B.NL.00.671.00T36		-GT-.....-AT	G-G-G-G-GG-A-C-T 8228
B.PE.07.502.2649.w08		-C-.....-G	A-C-T-G-G-G-A-C-T 8109
B.PY.03.03PY_PSP0115		-C-G-.....-TCT	K-A-T-G-T-G-G-C-C-C-T 7862
B.RU.11.11RU21n		-C-G-.....-T	T-G-T-G-G-C-C-C-T 8195
B.TH.07.AA040a.WG11		-G-A-.....-G	T-G-A-G-A-G-C-C-C-T 8000
B.TT.01.01TTT_CRC50669		-G-AC-.....-A	A-G-A-G-C-C-C-T 7898
B.TW.94.TWCYS_LM49		-G-.....-T	T-G-T-G-G-C-C-C-T 8638
B.UA.01.01UAUKV167		-G-.....-G	G-C-C-C-T 7931
B.US.02.0220V.TSU1290		-C-G-.....-AT	G-G-C-C-C-T 7901
B.YE.10.06DEMB10VE001		-C-G-.....-CTG	CT-G-C-T-G-A-G-T 8048
B.YE.02.02YE507		-G-.....-AT	G-G-C-G-G-C-G-T 7898
C.AR.01.AR4006		-A-A-A-C-G-G-ACCG-C-G-.....-G	AT-TAG-A-GC-TG-G-G-TA-G-A-C-A-T 7858
C.BR.07.DEMC07BR003		-T-A-A-C-G-G-ACCG-C-G-.....-G	T-G-C-T-G-A-G-C-TG-G-G-TA-G-A-C-A-T 7810
C.BW.00.00BW07621		-CA-A-G-C-G-G-ACCG-C-G-.....-G	T-G-C-T-G-A-T-TG-G-G-TA-G-A-C-A-T 8023
C.CN.88.YNRL9840		-CA-A-G-G-GAC-G-A-G-G-G-.....-G	T-G-C-T-G-A-G-T-TG-G-G-TA-G-A-C-A-T 7889
C.CY.09.CY268		-ACT-AT-GA-G-G-CA-A-GTT-G-.....-A	TCTCTCGGGGGACTGGGGG-G-TCAT-A-G-T 7926
C.ES.07.X2118.2		-CA-A-G-G-AGCG-.....-G	CAGTCTCAGGGGGCTGCAGAGG-C-GCTCAAGGGACTACAGAGG-AT 8073
C.ET.02.02ET2.288		-A-C-G-G-ACCG-.....-G	CAGCCTCAAGGGACTACAGAGG-C-GCTCAAGGGACTACAGAGG-AT 7893
C.GE.03.03GE.M0233		-CA-A-C-G-C-G-ACCA-C-G-.....-G	CAGTCTCAGGGACTACAGAGG-C-GCTCAAGGGACTACAGAGG-AT 7895
C.IIL.98.98IS002		-CA-A-G-G-C-G-G-ACCA-.....-G	CAGCCTCAAGGGGAAATCAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 8016
C.IN.03.D24		-A-A-CAG-GAC-G-G-G-.....-G	CAGCCTCAAGGGGAAATCAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 8759
C.KE.00.KER2010		-GCA-A-G-G-G-.....-G	CAGTCTCAGGGGACTACAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 7877
C.MM.99.MIDU101.3		-CA-A-CAG-GAC-G-G-G-G-.....-G	CAGTCTCAGGGGACTACAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 8047
C.MW.93.93MW.965		-CA-A-G-G-AGCA-.....-C	CAGTCTCAGGGGACTCAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 7863
C.SN.90.90SE.364		-CA-A-G-G-AGCA-.....-C	CAGTCTCAGGGGACTCAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 7812
C.SO.89.89SM.145		-CA-A-G-G-C-G-G-AGCG-.....-A	CAGTCTCAGGGGACTCAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 7914
C.TT.01.01TTT_CRC5018		-CA-A-G-G-C-G-G-AGCG-.....-A	CAGTCTCAGGGGACTCAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 7892
C.US.98.98US.MSC3018		-CA-A-G-G-GAC-G-ACCG-.....-A	CAGCCTCAAGGGGACTACAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 7811
C.YU.01.TRA3011		-A-A-C-G-C-TG-ACCG-.....-AT	CAGCCTCAAGGGGACTACAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 7865
C.YE.02.02YE511		-CAC-A-G-G-AGCA-.....-A	CAGTCTCAGGGGAAATCAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 7880
C.ZA.16.DEMC10ZA001		-CA-A-G-G-G-GA-.....-A	CAGTCTCAGGGGACTACAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 8020
C.ZM.02.02ZM108		-CA-A-G-AGCA-.....-A	CAGTCTCAGGGGACTACAGAGG-C-GCTAGAGG-AT 8725
D.CD.83.ELI		-A-A-A-C-G-T-.....-CAT	CT-T-G-G-C-C-C-T 8203
D.CM.10.DEMD10CM009		-A-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-A	CT-T-G-G-C-C-C-T 8005
D.CY.06.CY163		-A-A-A-C-G-G-C-G-.....-A	CT-T-G-G-C-C-C-T 7880
D.KE.97.ML415.2		-T-C-.....-C	A-G-A-G-G-C-C-C-T 8139
D.KR.04.04KBKH		-A-A-A-C-G-T-.....-A	G-G-C-T-G-G-C-T-G-A-T 8580
D.SN.90.90SE365		-A-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-A	G-G-C-T-G-G-C-T-G-A-T 8665
D.TD.99.MN011		-A-A-A-C-G-G-C-C-A-C-.....-T	CT-T-G-G-C-C-C-T 7857
D.TZ.01.A280		-A-A-A-CC-AC-G-G-.....-A	A-G-G-C-T-G-G-C-C-C-T 7855
D.UG.08.p191859		-A-A-A-C-G-G-C-C-.....-A	T-G-T-G-G-C-C-C-T 8675
D.YE.02.02YE516		-A-A-A-G-G-C-C-C-.....-A	T-G-T-G-G-C-C-C-T 8747
D.ZA.90.R1		-CA-G-.....-CT	A-G-G-C-C-C-T 8021
F1.A0.06.A0.06.ANG125		-CA-A-A-C-G-C-A-C-.....-T	CT-T-G-G-C-C-C-T 8203
F1.AR.02.ARE933		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-T	CT-T-G-G-C-C-C-T 8005
F1.BE.93.V1858		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-T	CT-T-G-G-C-C-C-T 8139
F1.BR.07.07B7844		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-T	CT-T-G-G-C-C-C-T 8580
F1.CS.08.CY22		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-T	CT-T-G-G-C-C-C-T 8665
F1.ES.11.DEMF110ES001		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-AT	CT-T-G-G-C-C-C-T 7857
F1.FI.93.FIN93653		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-T	CT-T-G-G-C-C-C-T 7963
F1.FR.96.96FR.MP411		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-A	CTA-C-G-C-C-C-T 7834
F1.R0.96.BCI.R07		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-A	CT-T-G-G-C-C-C-T 8721
F1.RU.08.D88.845		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-A	CT-T-G-G-C-C-C-T 8153
F2.CM.10.DEMF210CM007		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-A	CT-T-G-G-C-C-C-T 7988
F2.CM.97.CM53657		-CA-A-A-C-G-G-C-A-C-.....-AT	CT-G-C-GG-C-C-C-T 7838
G.BE.96.DRCBL		-CA-C-G-G-C-.....-ACAGTCAGGGGACTACAGAGG	-T-G-T-G-T-G-C-G-G-A-T 8627
G.CM.10.DEMG10CM008		-CA-C-G-G-C-CA-.....-ACAGTCAGGGGACTACAGAGG	-T-G-T-G-T-G-C-G-G-A-T 8030
G.CN.98.GX.2008.04		-CA-C-G-G-C-CA-.....-ACAGTCAGGGGACTACAGAGG	-T-G-T-G-T-G-C-G-G-A-T 7921
G.CU.99.Cu74		-G-C-G-A-CA-.....-ACAGTCAGGGGACTACAGAGG	-T-G-T-G-T-G-C-G-G-A-T 8307
G.ES.09.X2634.2		-CA-A-C-G-C-CA-.....-ACAGTCAGGGGACTACAGAGG	-T-G-T-G-T-G-C-G-G-G-C-A-T 8165
G.GH.03.03GH.175G		-TGC-G-C-G-C-CA-.....-ACAGTCAGGGGACTACAGAGG	-T-G-T-G-T-G-C-G-G-G-C-A-T 8734
G.KE.93.HH793.12.1		-CA-A-C-G-G-CG-CA-.....-ACAGTCAGGGGACTACAGAGG	-T-G-T-G-T-G-C-G-G-G-C-A-T 8058
G.NG.09.09NG_SC62		-CA-A-C-G-C-G-C-CA-.....-ACAGTCAGGGGACTACAGAGG	-T-G-T-G-T-G-C-G-G-G-C-A-T 7867

	Rev end (TAA) in some lineages	Rev end
B.FR.83.XHB2	GGGTGGGAACCCGGGTTCTCAAGGAACTTAACTGCTGTCAGGAACTAAAGAATAGTGCTGTTAGCTGC	8667
Rev exon 2	CTCAAAATTGGTGGAACTCTCTACAGTATTGGAGTCAGGAACCTAAAGAATAGTGCTGTTAGCTGC	
Env	P Q I L V E S P T V L S G T K E N * S A V S L	
G.PT.x.PT3306	L L L L I V T R I V E L L G R R G W E S	
G.SE.93.SE6165_G6165	CA - - - GCA - - - C - - - GAGCTTCAAGGGACTGAGACTG G - - - CT - - - I - GTI - - - C - - - G - - - CA - AT - - - 8664	
H.BE.93.VT991	CCA - - - G - - - CA - - - GAGCTCCTAACGGGACTGAGACTG G - - - CT - - - I - GTI - - - C - - - G - - - CA - AT - - - 8106	
H.CP.90.VI997	C - - - G - - - G - - - GA - - - GA - - - AA - - - G - - - CT - - - CT - - - T - - - A - C - - - G - - - A - - - T - - - 781	
H.GB.90.00GBAC4001	CG - - - A - - - GT - - - G - - - GA - - - GA - - - AA - - - G - - - CT - - - CT - - - T - - - A - C - - - G - - - A - - - T - - - 7936	
J.CD.97.J.07DC.KTB147	CG - - - G - - - G - - - AC - - - GAT - - - GAT - - - GAT - - - GAT - - - CT - - - CT - - - GG - GTGT - - - G - - - A - - - T - - - 7870	
J.CM.94.MU11421	CG - - - A - - - G - - - G - - - AC - - - T - - - T - - - GAT - - - GAT - - - GAT - - - GAT - - - CT - - - CT - - - G - - - G - - - A - - - T - - - 8193	
J.SE.93.SE59288_7887	CG - - - G - - - G - - - AC - - - T - - - T - - - GAT - - - GAT - - - GAT - - - GAT - - - CT - - - CT - - - TG - - - G - - - G - - - A - - - T - - - 8174	
J.SE.94.SE9173_7022	CG - - - G - - - G - - - AC - - - T - - - T - - - GAT - - - GAT - - - GAT - - - GAT - - - CT - - - CT - - - TG - - - G - - - G - - - A - - - T - - - 7981	
K.CD.97.97ZK.E0TB11	G - - - A - - - CG - - - C - - - AGGGGACTGAAAGG - - - A - T - - - CCT - - - CT - - - GA - - - GA - - - CA - - - A - - - 7850	
K.CM.96.96CM.MPS535	A - - - A - - - G - - - CC - - - AGGGGACTGAAAGG - - - A - T - - - CT - - - CT - - - TG - - - GA - - - CA - - - A - - - 7827	
01 AE_AF.07.569N	CA - - - C - - - C - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGG - - - GT - - - G - - - CT - - - C - - - T - GTTA - - - G - - - A - TCT - - - 7879	
01 AE_CN.09.1119	CAG - - - C - - - G - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGG - - - G - - - CT - - - C - - - T - GTT - - - G - - - A - TCT - - - 7910	
01 AE_HK.04.HK001	CA - - - C - - - C - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGG - - - GT - - - CT - - - G - - - T - GTCA - - - G - - - A - TCT - - - 8049	
01 AG_D.07.D0002	CA - - - C - - - C - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGG - - - TT - - - CT - - - G - - - T - GATE - - - G - - - A - TCT - - - 8788	
01 AE_TH.04.BKM	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGG - - - AG - - - CT - - - G - - - T - GATA - - - G - - - A - TCT - - - 8124	
01 AE_TH.09.A111a_WG11	AC - - - C - - - C - - - CG - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGG - - - G - - - CT - - - G - - - T - GTTA - - - G - - - A - TCT - - - 8241	
01 AE_TH.09.CM240	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGG - - - G - - - CT - - - G - - - T - GTTA - - - G - - - A - TCT - - - 8241	
01 AE_VN.98.VBNVND15	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGG - - - G - - - CT - - - G - - - T - GTTA - - - G - - - A - TCA - - - A - 7958	
02 AG_CM.08.DE00208CBM001	TGCA - - - TG - - - GGCC - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - G - - - CT - - - G - - - T - GTTA - - - G - - - A - T - - - 8119	
02 AG_ES.05.P1261	TG - - - C - - - G - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - A - - - CT - - - G - - - T - GTCA - - - G - - - A - AT - - - 8063	
02 AG_FG.91.D3263	TG - - - C - - - GT - - - GC - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - A - - - CT - - - G - - - T - TA - - - G - - - A - AT - - - 8659	
02 AG_GH.03.03GH181AG	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - G - - - CT - - - G - - - T - TA - - - G - - - A - AT - - - 8194	
02 AG_LR.x.POC44951	TG - - - C - - - G - - - CA - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - G - - - CT - - - G - - - T - TA - - - G - - - A - AT - - - 7893	
02 AG_SN.98.98SE_MPM1211	TG - - - C - - - G - - - CA - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - G - - - CT - - - G - - - T - TA - - - G - - - A - AT - - - 7873	
02 AG_US.08.582_696_FL01	GGC - - - CTG - - - G - - - A - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - G - - - CT - - - G - - - T - ACC - - - G - - - A - AT - - - 7873	
02 AG_US.08.02270683	TGC - - - G - - - C - - - G - - - A - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - G - - - CT - - - G - - - T - ACC - - - G - - - A - AT - - - 7873	
03 AB_RU.97.RAL153_2	A - - - C - - - G - - - C - - - GATA - - - G - - - G - - - CT - - - G - - - T - GT - - - G - - - A - AT - - - A - ATC - - - 8040	
04_Cpx_CY.94.94CY032_3	CG - - - BE_x.VII310	
05_DF_BE_x.VII310	AC - - - A - - - GT - - - G - - - G - - - G - - - CT - - - G - - - CG - - - CG - - - A - - - G - - - A - - - T - AT - - - 8073	
06_Cpx_AU.96.BFP90	CGG - - - C - - - G - - - C - - - A - - - AT - - - G - - - CT - - - G - - - CA - - - TG - - - TGT - - - G - - - A - - - TC - - - 8715	
07_BC_CN.98.98CN09	CA - - - A - - - AG - - - G - - - G - - - ACAGCTCTAACGGGACTACAGAGG - - - T - - - CT - - - G - - - A - - - TG - - - G - - - C - - - G - - - A - - - TC - - - 8010	
08_BC_CN.06.nx2	CA - - - A - - - GAGGG - - - AGGG - - - T - - - G - - - ACAGCTCTAACGGGACTACAGAGG - - - G - - - CT - - - G - - - A - - - TG - - - G - - - C - - - T - G - - - A - - - G - - - 8644	
09_Cpx_GH.96.96GH2911	CA - - - A - - - C - - - G - - - A - - - T - - - C-GAT - - - G - - - CT - - - G - - - TGCG - - - A - - - G - - - A - - - T - - - 7839	
10_CD.TZ.96.96T2_BF061	A - - - A - - - C - - - C - - - G - - - A - - - T - - - G - - - A - - - CT - - - G - - - TAC - - - A - - - T - - - G - - - A - - - 8019	
11_Cpx_CM.95.95CM.1816	A - - - A - - - C - - - G - - - AC - - - G - - - GA-S - - - A - - - CCT - - - G - - - TAC - - - A - - - T - - - G - - - A - - - 8066	
12_BF.AR.99.ARMA159	G - - - C - - - C - - - C - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - G - - - G - - - CCT - - - T - GTTA - - - G - - - A - - - C - - - 8632	
13_Cpx_CM.96.96CM.1849	CA - - - C - - - G - - - CA - - - GT - - - A - - - CAGTCTCAAGGGACTGAGACGTG - - - G - - - G - - - CT - - - T - GTTA - - - G - - - A - - - 8113	
14_BG_ES.05.X1870	CA - - - C - - - G - - - CA - - - G - - - G - - - G - - - CT - - - G - - - T - GT - - - G - - - G - - - A - - - T - AT - - - 8170	
15_BI_ES.05.99.9TH_MU2079	G - - - C - - - C - - - C - - - A - - - CAGCTCTAACGGGACTGAGACGTG - - - G - - - G - - - CT - - - G - - - T - GTT - - - G - - - G - - - A - - - TCT - - - 8060	
16_BI_KR.97.97TH0004	T-GCA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - CT - - - C - - - T - GTT - - - G - - - G - - - G - - - A - - - T - AT - - - 854	
17_BF.AR.99.ARMA038	G - - - C - - - G - - - C - - - A - - - T - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7856	
18_Cpx_CU.99.CU76	G - - - C - - - G - - - C - - - A - - - T - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7996	
19_Cpx_CU.99.CU76	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7730	
20_BG_CU.99.CU103	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8122	
21_A2D KE.99.KER2003	A - - - A - - - GG - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7855	
22_01A1_CM.01.01CM.0001BBY	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8785	
23_BG_CU.03.CB118	C - - - G - - - CAT - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8116	
24_BG_ES.08.X2456_2	G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8106	
25_Cpx_CM.02.0191LE	CA - - - C - - - G - - - CA - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7887	
26_AU_CD.02.02CD_MBMB047	T - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8676	
27_Cpx_FR.04.04CD_KR_ZS	GTG - - - C - - - G - - - C - - - A - - - GAGCTCTAACGGGACTGAGACGTG - - - G - - - G - - - CT - - - T - G - - - G - - - A - - - 8068	
28_BF_BR.99.BREPM12699	G - - - C - - - C - - - C - - - A - - - GAGCTCTAACGGGACTGAGACGTG - - - G - - - G - - - G - - - CCT - - - T - GT - - - G - - - A - - - 8112	
29_BF_BR.04.04BPM16704	ACA - - - A - - - AGCG - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8138	
31_BI_ES.04.EE0369	CGG - - - C - - - C - - - AC - - - A - - - GAGCTCTAACGGGACTGAGACGTG - - - G - - - G - - - G - - - CCT - - - AA - - - CG - - - 8293	
33_BI_ID.07.JKT189_C	G - - - C - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7980	
34_BI_TH.09.OUR2478P	G - - - C - - - G - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7833	
35_ADG_CM.07.169H	CAG - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7870	
36_Cpx_CM.00.00CMNYU830	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7888	
37_Cpx_CM.00.00CMNYU926	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - GAGGGACTGAA - - - AT - - - T - GAAA - - - GC - - - TG - - - G - - - TA - - - G - - - A - - - 8063	
38_BF1_UY.03.UY03_3389	ACA - - - A - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8063	
39_BF_BR.04.04BRRJ179	ACA - - - A - - - AG - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8117	
40_BF_BR.05.05BRRJ055	CA - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8164	
42_BF_LU.03.LUBF_05_03	G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8129	
43_BI_SG.03.JI1223	CA - - - C - - - G - - - CA - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8171	
44_BF_CL.00.00BFR	CA - - - A - - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8082	
45_BI_FR.04.FR_AUK	CA - - - A - - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8043	
47_BF_BR.07.P1942	CA - - - A - - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8084	
48_BI_MY.07.07MYKT021	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7899	
49_Cpx_GM.03.N26677	CA - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8094	
51_BI_SG.11.11SG_HM021	TG - - - A - - - G - - - C - - - AC - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7858	
52_BI_MY.03.03MKYL018_1	G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7996	
53_BI_MY.11.11FIR164	A - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8007	
54_BI_MY.09.09MYMS023	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8096	
55_BI_CN.10.NHS102056	CA - - - A - - - C - - - G - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 7998	
56_BE.AC.TANT70	GCA - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8735	
0.CM.91.MVP180	CA - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8761	
0.CM.98.98CMCA104	CA - - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8239	
0.FR.92.VAU	CA - - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8301	
0.SN.99.995E_MP1299	CA - - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8803	
0.US.10.LTNP	CA - - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8659	
0.US.07.97US08692A	CA - - - C - - - G - - - C - - - A - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8225	
N.CM.02.DJ00131	- - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8121	
N.CM.04.04CM.1015_04	- - - AAC - - - CA - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8093	
N.CM.06.014842	- - - C - - - CG - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8161	
N.CM.05.95.YBF30	- - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8239	
N.CM.97.YBF106	- - - C - - - CA - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8197	
N.FR.97.11.NI_FPR_2011	- - - C - - - G - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8021	
P.CM.06.014788	- - - GCA - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8240	
P.FR.09.RBF168	- - - GCA - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8096	
CPZ_CD.06.BF1167	- - - T - G - CACC - - - TTG - - - CAT - - - GA - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8870	
CPZ_CD.05.SIVcpzMT145	- - - T - G - CACC - - - TTG - - - CAT - - - GA - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8786	
CPZ_GA.88.GAB1	- - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8728	
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	- - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8359	
CPZ_US.85.US_Marilyn	- - - A - - - C - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - G - - - 8696	

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	AGTAGT...GTGATGGATGGCCCTACTGTAAGGGAAAAGATGAGACGA	GCT.....GAG.....CCA.....GCAGCAGATAGGGTGGG 8888
Nef	S-S...V I G W P T V R E R M R R -	P.....A A D R V G
A1.AU.03.PS1044.Day0	-A-C...AGC-AG-T-GAAA-T-A-A-A-	-A.....AG-A-A- 8147
A1.CH.03.HIV.CH.BID_V3538	-C-C...A AGC-G-G-GAGA-T-G-A-	-G.....AG-A-A- 8150
A1.ES.06.X2116	-A-AAGA-AAG-G-A-A-GAA-T-CAG-A-	-ACG-A-A-A- 8938
A1.IT.02.60000	-C-C...A AGC-G-G-GAG-T-T-A-	-AGAG-A-A- 8160
A1.KE.06.06KEst.001	-C-C...AAAG-G-G-GAGA-T-A-AAT-	-CCAG-A-A- 8915
A1.RU.11.1IRU6950	-C-C...A AG-G-G-CAG-T-A-A-	-ACAG-A-A-A- 8445
A1.RW.07.prR463F	-C-C...A AG-G-G-GAG-T-A-A-	-CCAG-A-A- 8083
A1.SE.95.S8538	-A-C...AAAGAG-G-T-GAG-T-A-A-G-A-	-AAG-A-A-A- 8105
A1.TZ.01.A341	-C-C...A AG-G-G-GAGA-T-A-T-T-	-CCAG-A-A- 9008
A1.UA.01.01UADN139	-C-C...A AG-G-G-CAGA-T-A-T-T-	-ACAG-A-A- 8123
A1.UG.07.p191845	-C-C...A AG-G-G-GAGA-T-A-T-T-	-CCAG-A-A- 8349
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-C-C...A AG-G-G-CAGA-T-A-AG-	-AG-A-A-A- 8249
A2.CD.97.97DK1B48	-A-C...A AG-G-G-GAGA-T-G-A-	-AG-A-A-A- 8102
A2.CM.01.01CM1445MV	-G-C...A AG-G-G-GAGA-T-G-A-	-CCAG-A-A- 8311
A2.CY.94.94CY017_41	-G-C...A ACCA-G-G-A-T-A-	-GG.....G 8064
B.AR.04.04AR143170	-A-G-G-G-G-A-C-A-C-A-	-G.....G 8077
B.AU.04.PS1038.Day174	-M-RG-G-R-G-C-R-C-A-	-G.....G 8255
B.BR.06.06BR1110	CAC-G-G-G-A-C-A-A-C-	-G.....G 8332
B.CA.07.502_1191_03	G-G-G-A-GG-G-AA-G-G-C-T-A-	-AG.....AG 8116
B.CH.04.HIV.CH.BID.V4408	C-C-G-C-G-G-T-G-A-	-GG.....AG 8273
B.CN.10.DEMB10CN002	CC-A-G-CAGC-AG-G-GA-	-AG.....AG 8071
B.CO.01.PCM001	C-A-G-CAGAG-G-G-G-	-AG.....AG 8455
B.CU.99.Cu19	CT-AGAGAG-G-G-G-	-AG.....AG 8098
B.CY.09.CY266	-A-A-G-C-A-G-C-A-G-A-	-G.....G 8176
B.DE.04.HIV.DE.BID.V4131	-C-AG-GA-GA-G-A-	-AG.....AG 8321
B.DK.07.PMVL.011	-G-A-GG-G-G-A-G-A-	-AG.....AG 8074
B.DO.05.05DO.160884	-A-AG-G-A-T-G-G-	-G.....G 8322
B.ES.09.P2149_3	C-G-A-A-G-T-A-A-G-	-G.....G 8322
B.FR.08.DEMB08FR002	T-CC-G-A-G-A-G-A-A-	-G.....G 8322
B.GE.03.03GEM2004	C-ACA-GG-A-TT-A-G-GA-A-	-G.....G 8086
B.IB.05.05IB.129389	C-G-A-G-A-G-A-G-A-	-G.....G 8114
B.JM.05.JM.KJ108	-C-AACAG-G-G-A-A-C-A-	-G.....G 8098
B.JP.05.DR6538	-C-AG-GG-G-A-A-C-A-	-G.....G 8924
B.KR.07.07KY44	C-A-C-C-G-AA-A-A-C-A-	-AG.....AG 8559
B.NL.09.671_00T36	CA-A-G-G-G-G-G-G-	-CG.....CG 8449
B.PE.07.502_2649_w08	T-AG-K-A-GG-A-G-G-	-A-GG.....A-GG 8330
B.PY.03.03PY.PSP0115	T-TTC-G-A-G-A-A-A-	-AG.....AG 8083
B.RU.11.11RU21n	-C-T-G-GA-C-A-A-G-	-AG.....AG 8416
B.TH.07.AA040a.WG11	-C-G-G-A-G-G-C-A-A-	-G.....G 8221
B.TT.01.01TT.CRC50069	T-AG-AC-GG-A-G-G-A-	-AG.....AG 8119
B.TW.94.TWCYSLM49	C-A-ACC-T-A-A-A-A-A-	-G.....G 8862
B.UA.01.01UAUKV167	C-AC-GG-T-G-A-A-GA-	-AG.....AG 8152
B.US.02.ES38	-TC-C-GA-C-T-GA-A-	-AG.....AG 8849
B.UY.02.00UY.TSU1290	C-C-GG-A-G-G-A-C-G-A-	-G.....G 8137
B.VE.10.01DEMB10VE001	C-CAAG-A-G-C-A-G-A-G-A-A-	-G.....G 8275
B.YE.02.02YE507	C-G-A-G-A-A-A-	-C.....G 8119
C.AR.01.ARG4086	T-T-G-G-A-A-A-A-A-	-T-G.....T-G 8103
C.BR.07.DEMB07BR003	T-CC-G-G-T-G-A-A-A-	-GG-A-A-A- 8331
C.BW.00.00BW00621	-C-A-G-A-G-A-G-A-A-	-GG.....GG 8244
C.CN.08.YNRL9840	-A-C-AAGG-A-G-A-G-G-	-GAT.....GAT 8110
C.CY.09.CY260	-C-C-T-A-T-GG-G-A-G-G-	-GG.....GG 8174
C.ES.07.X2118_2	-C-A-G-A-G-AG-A-T-A-AA-	-TGG-A-A- 8294
C.ET.02.02ET.288	T-C-CCA-GG-T-CA-A-A-	-GG.....GG 8114
C.GE.03.03GEM2033	-AC-A-A-G-G-G-A-G-A-	-AG-A-A-A- 8116
C.IL.98.98IS002	T-CCAG-G-G-T-G-A-A-A-	-AG.....AG 8237
C.IN.03.D24	T-G-G-G-T-GAG-A-A-A-	-AG.....AG 8974
C.KE.00.KER2010	-C-C-A-A-G-A-G-C-A-G-	-G-GG-A-A- 8098
C.MM.99.mIDU101_3	C-C-A-G-C-A-G-A-G-A-	-G.....G 8268
C.MW.93.93MW.965	-C-A-A-G-A-G-A-A-A-	-GG.....GG 8084
C.SN.90.90SE.364	T-C-A-A-G-G-AGAG-A-A-A-	-AGT.....AGT 8033
C.SO.89.89SM.145	-C-A-A-G-G-A-G-A-A-	-ACGG-A-A- 8135
C.TZ.02.02TZ	-C-A-G-G-G-G-G-A-T-	-GG.....GG 8111
C.ZE.00.00ZU.MSC1018	T-C-A-A-G-A-G-A-A-A-	-GG.....GG 8032
C.UV.01.TRA3011	T-CCAGC-G-GA-A-G-A-	-GG-A-A- 8086
C.YE.02.02YE511	TCC-AG-G-G-GT-G-C-A-GA-	-CAG.....CAG 8137
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-C-C-A-A-G-G-G-A-A-A-	-TAG-A-A- 8271
C.ZM.02.02ZM108	A-G-A-A-A-A-A-A-	-GG-A-A- 8952
D.CD.83.ELI	-A-AG-G-G-A-A-A-A-	-G.....G 8424
D.CM.10.DEMD10CM009	D-CM.10.DEMD10CM009	-G.....G 8235
D.CY.06.CY163	-C-A-A-G-G-A-A-A-A-	-G.....G 8101
D.DK.97.ML415_2	-C-A-A-G-G-A-A-A-A-	-AG.....AG 8381
D.DR.04.04KBH8	-A-AG-A-A-G-A-A-A-A-	-G.....G 8786
D.SN.90.SE365	-A-AG-A-A-G-A-A-A-A-	-G.....G 8886
D.TD.99.MN011	-A-AG-A-G-A-A-A-A-	-GG.....GG 8078
D.TZ.01.A280	-A-AG-A-G-A-A-A-AA-	-CG.....CG 8076
D.UG.08.p191859	C-A-AG-G-G-A-A-A-A-	-AG.....AG 8911
D.YE.02.02YE516	-A-AG-G-G-A-A-A-AA-	-G.....G 8068
D.ZA.90.R1	-A-AG-G-G-A-A-A-A-	-G.....G 8242
F1.A0.06.A0_06.ANG125	-A-A-G-G-G-G-G-G-	-CG-A- 7951
F1.AR.02.ARE933	-A-AG-G-G-G-G-G-G-	-AG.....AG 8158
F1.BE.93.V1850	-C-A-AG-G-G-G-A-A-	-G.....G 8165
F1.BR.07.07BR844	C-A-AG-G-G-G-G-A-	-AA...G-A- 8687
F1.CM.08.CM001	T-C-A-A-G-C-T-G-A-G-G-	-AG.....AG 8054
F1.ES.05.DEMF110E5001	-C-A-A-G-G-G-G-G-	-A-A...A- 8196
F1.FI.93.FIN9363	-A-AG-G-G-G-G-G-	-AG.....AG 8187
F1.FR.96.96FR.MP411	-A-AG-G-G-G-G-G-	-AG.....AG 8055
F1.RO.96.BCI.R07	C-AGC-G-G-G-A-G-G-	-AG.....AG 8957
F1.RU.08.D88.845	-A-AG-G-G-G-A-T-A-	-AG.....AG 8406
F2.CM.10.DEMF210CM007	-C-A-AG-G-G-A-A-G-A-	-AG.....AG 8209
F2.CM.97.CM53657	-A-AAG-A-A-A-A-A-	-CCAG.....CCAG 8059
G.BE.96.DRCBL	-G-AA-AGC-G-C-A-A-	-AG.....AG 8848
G.CM.10.DEMG10CM008	-GAG-G-A-A-A-A-A-	-CAG.....CAG 8266
G.CN.08.GX.2084_08	-T-C-A-AG-G-CGAGA-A-A-A-	-CCA.....CCA 8141
G.CU.99.Cu74	-A-AG-G-G-G-A-A-A-	-CAG.....CAG 8528
G.ES.09.X2634_2	C-CTCC-A-AG-G-GAGA-C-A-C-A-	-GCA.....GCA 8389
G.GH.03.03GH175G	-A-C-A-A-AG-A-CAG-A-A-A-	-GCA.....GCA 8955
G.KE.93.HH8793.12_1	-A-G-G-A-A-A-A-A-	-AG.....AG 8285
G.NG.09.09NG_SC62	-CG-G-G-G-A-A-G-	-GCA.....GCA 8076

B.FR.83.HXB2	AGTAGT...GTGATTGGATGGCTACTGTAAGGAAAGAATGAGACGA	GCT.....GAG.....CCA.....P.....GCAGCAGATAGGGTGGG	8888
Nef	S S . . V I G W P T V R E R M R R E	
G.PT.X.PT3306	GTCTCC . . A-AG GCA	TAG-A-A- 8900
G.SE.93.SE6165_G6165	-----C . . A-AG AG-A-A- 8327	
H.BE.93.VI991	G A-G-A AG-A-A- 8288	
H.BE.93.VI997	-----A-AG-G G-A-A- 8283	
H.CF.90.056	G A-GG-G G-A-A- 8208	
H.GB.00.000BAC4001	-----A-AG-G CCA-T AG-C 8208	
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-----A-AG-G RG-A-A- 8397	
J.CM.04.04CMU1422	-----A-AG-G	
J.SE.93.SE9288_7887	-----A-AG-G	
J.SE.94.SE9173_7022	-----A-AG-G	
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-----A-AG-G	
K.CM.96.96CM.MP535	-----A-AG-G	
01.AE.AF.07.569N	-----A-AG-G	
01.AE.CN.09.1119	-----A-AG-G	
01.AE.HK.04.HK001	-----A-AG-G	
01.AE.JP.X.DR8492	-----A-AG-G	
01.AE.TH.09.0001	-----A-AG-G	
01.AE.TH.09.000111a_WG11	-----A-AG-G	
01.AE.TH.90.0001	-----A-AG-G	
01.AE.VN.98.98VNND15	-----A-AG-G	
02.AG.08.000208CM001	-----A-AG-G	
02.AG.ES.06.P1261	-----A-AG-G	
02.AG.FR.91.D1263	-----A-AG-G	
02.AG.GH.03.03GH181AG	-----A-AG-G	
02.AG.LR.X.POCC4951	-----A-AG-G	
02.AG.NG.IBNA	-----A-AG-G	
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	-----A-AG-G	
02.AG.US.06.502.2696.FL01	-----A-AG-G	
02.AG.UZ.02.02020683	-----A-AG-G	
03.AR.RZ.97.000153_2	-----A-AG-G	
04.DP.CY.04.040032_3	-----A-AG-G	
05.DP.BE.VII310	-----A-AG-G	
06.Cpx.AU.96.BFP90	-----A-AG-G	
07.BC.CN.98.98CN09	-----A-AG-G	
08.BC.CN.06.nx2	-----A-AG-G	
09.cpx.GH.96.96GH2911	-----A-AG-G	
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	-----A-AG-G	
11.cpx.CM.95.95CM.1816	-----A-AG-G	
12.BF.AR.99.ARMA159	-----A-AG-G	
13.cpx.CM.96.96CM.1849	-----A-AG-G	
14.BG.ES.05.X1870	-----A-AG-G	
15.OIB.TH.99.99TH.MU2079	-----A-AG-G	
16.AD.KR.99.97KR004	-----A-AG-G	
17.BF.AR.99.AR0038	-----A-AG-G	
18.cpx.CU.99.CU76	-----A-AG-G	
19.cpx.CU.99.CU7	-----A-AG-G	
20.BG.CU.99.CU103	-----A-AG-G	
21.A2D.KE.99.KER2003	-----A-AG-G	
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY	-----A-AG-G	
23.BG.CU.03.CB118	-----A-AG-G	
24.BG.ES.08.X2456_2	-----A-AG-G	
25.cpx.CM.02.1918LE	-----A-AG-G	
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	-----A-AG-G	
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-----A-AG-G	
28.BF.BR.99.BREPM12699	-----A-AG-G	
29.BF.BR.01.BREPM16704	-----A-AG-G	
31.BF.ES.01.01ES.01	-----A-AG-G	
32.01B.ID.97.JKT189_C	-----A-AG-G	
34.01B.TH.99.OUR2478P	-----A-AG-G	
35.AD.AF.07.169N	-----A-AG-G	
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	-----A-AG-G	
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	-----A-AG-G	
38.BF.UY.03.UY03.3389	-----A-AG-G	
39.BF.BR.04.04BRRRJ179	-----A-AG-G	
40.BF.BR.05.05BRRJ055	-----A-AG-G	
42.BF.LU.03.LUBT.05.03	-----A-AG-G	
43.026.SA.03.J11223	-----A-AG-G	
44.BF.CL.00.CH80	-----A-AG-G	
45.cpx.FR.04.04FR.AUK	-----A-AG-G	
46.BF.BR.07.07FB.FPS625	-----A-AG-G	
47.EP.08.P1942	-----A-AG-G	
48.01B.MY.07.07MYKT021	-----A-AG-G	
49.cpx.GM.03.N26677	-----A-AG-G	
51.01B.SG.11.11SG.HM021	-----A-AG-G	
52.01B.MY.03.03MYKL018_1	-----A-AG-G	
53.01B.MY.11.11FIR164	-----A-AG-G	
54.01B.MY.09.09MSB023	-----A-AG-G	
55.01B.CN.10.HNC5102056	-----A-AG-G	
0.BE.87.ANT70	-----A-AG-G	
0.CM.91.MVP5180	-----A-AG-G	
0.CM.98.98CMA104	-----A-AG-G	
0.FR.92.VAU	-----A-AG-G	
0.SN.99.99SE.MP1299	-----A-AG-G	
0.US.10.LTNP	-----A-AG-G	
0.US.97.97US08692A	-----A-AG-G	
N.CM.02.DJ00131	-----A-AG-G	
N.CM.04.04CM.1015_04	-----A-AG-G	
N.CM.06.U14842	-----A-AG-G	
N.CM.95.YBF30	-----A-AG-G	
N.CM.97.YBF106	-----A-AG-G	
N.FR.11.N1.FR.2011	-----A-AG-G	
P.CM.06.U14788	-----A-AG-G	
P.FR.09.RFB168	-----A-AG-G	
CPZ.CD.06.BFL167	-----A-AG-G	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-----A-AG-G	
CPZ.CM.98.GAB1	-----A-AG-G	
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	-----A-AG-G	
CPZ.US.85.US.Marilyn	-----A-AG-G	

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	AGCAGCATCTGGAGGCTGGAAAAACATGGAGCAATACAAGTAGAACATACAGCAGCTACCATGCTTGTGCCCTGGCTAGAACCA..	GAG.. . . GAG.. . . GTGGGTTTCCAGTCACCACTCAGGTACCTTAAGACCAATGACTTACA	9040
Nef	A A S R D L E K H G A I T S S N T A A T N A A C A W L E A Q E E	E E V G F P V T P Q V P L R P M T Y	- - - - -
G.PT.X.PT3306	- - - - - A - TT-A-C-T-GG- - - - - T - C - A - - - - - AT - C - A - - - - - G - G - - - - - A - A - - - - -	TCA - - - - - A - C - - - - - A - A - C - - - - - G - - - - -	9055
G.SE.93.SE6165_G6165	- - - - - T - A - - - - T - G G - - - - - C - - - - - C - AT - C - A - - - - - G - - - - -	CTCA - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	- - - - -
H.BE.93.VI991	- - - - - TG - - - - A - TT-A-C-T-G - - - - - G - - - - - TC - AT - C - T - T - AT - - - - - AC - CC - - - - -	GG - G - - - - -	- - - - -
H.CF.90.056	- - - - - TG - - - - T - T - G - GA - G - G - - - - - TC - AI - - - - - T - C - A - G - G - - - - -	AGAG - A - - - - - A - C - - - - - GG - G - - - - -	8443
H.GB.00.006BAC4001	- - - - - C - T - - - - TT - - - - T - R - R - - - - G - - - - - TC - AT - - - - - T - T - CG - A - GCC - - - - -	G - GAG - A - - - - - A - C - - - - - GG - G - - - - -	- - - - -
J.CD.97.J.97DC.KTB147	- - - - - G - - - - A - TT-A-C-T-GG - - - - - C - - - - - T - AA - A - AG - C - - - - - G - G - - - - -	ACA - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8205
J.CM.94.04CMU1422	- - - - - TG - - - - A - TT-A-C-T-CG - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - -	ACA - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8575
J.SE.93.SE9288_7887	- - - - - TG - - - - A - TT-C-T-G - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - -	ACA - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8338
J.SE.94.SE9173_7022	- - - - - TG - - - - A - TT-C-T-G - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - -	ACA - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8348
K.CD.97.97ZTR.EQTB11	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - TTC - AT - C - A - - - - - G - A - C - - - - -	C - - - - - A - - - - - G - - - - -	8223
K.CM.96.96CM.MP535	- - - - - T - A - - - - C - T - G - G - - - - - C - - - - - TT - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	A - - - - - A - - - - - G - - - - -	- - - - -
01.AE.AF.07.569N	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8227
01.AE.CN.09.1119	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8306
01.AE.HK.04.HK001	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8283
01.AE.JP.x.DR8492	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8422
01.AE.TH.09.1111	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8078
01.AE.TH.09.1111a_WG11	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	A - - - - - A - - - - - G - - - - -	9043
01.AE.TH.90.CM240	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	T - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8491
01.AE.VN.98.98VNND15	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - - - - - T - CAC - AT - C - A - - - - - G - - - - -	T - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8608
02.AG.CM.08.DE00208CM001	- - - - - G - - - - A - TT-A-T-G - - - - - R - C - C - T - C - - - - - T - C - G - A - - - - - G - - - - -	A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8331
02.AG.ES.06.P1261	- - - - - AG - - - - A - TT-A-T-G - - - - - R - C - C - T - C - - - - - T - C - G - A - - - - - G - - - - -	T - G - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8499
02.AG.FR.91.D1263	- - - - - A - TT-A-T-G - - - - - R - C - C - T - C - - - - - T - C - G - A - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8436
02.AG.GH.03.03GH181AG	- - - - - A - TT-A-CT-G - - - - - C - T - - - - T - CA - A - C - A - - - - - G - - - - -	9108	
02.AG.LR.x.POC44951	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - - - - T - G - C - T - C - A - C - - - - - G - - - - -	A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9041
02.AG.NG.IX.BN	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - - - - T - G - C - T - C - A - C - - - - - G - - - - -	GG - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8567
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - - - - T - G - C - T - C - A - C - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8275
02.AG.US.06.562.2696_FL01	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - - - - T - G - C - T - C - A - C - - - - - G - - - - -	GG - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8249
02.AG.UZ.02.02Z0683	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - - - - T - G - C - T - C - A - C - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - - - - - G - - - - -	8251
03.AR.RZ.97.0153_3	- - - - - C - T - - - - A - TT-A-T-G - - - - - T - C - G - - - - - C - T - - - - T - C - A - C - - - - - G - - - - -	A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8250
04.DP.CY.94.0406032_3	- - - - - C - T - - - - A - TT-A-T-G - - - - - T - C - G - - - - - C - T - - - - T - C - A - C - - - - - G - - - - -	AGAA - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8452
05.DP.BE.v.VII310	- - - - - TG - - - - A - TT-A-C-T-GG - - - - - G - T - - - - T - CA - A - C - A - - - - - G - - - - -	A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8449
06.Cpx.AU.96.BFP90	- - - - - TG - - - - A - TT-T-T-G - - - - - G - - - - - C - T - - - - T - CA - A - C - A - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9085
07.BC.CN.98.98BCN09	- - - - - T - G - - - - G - - - - - C - T - - - - T - CA - A - C - A - - - - - G - - - - -	AAG - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8383
08.BC.CN.06.nx2	- - - - - T - T - - - - A - G - - - - - C - T - - - - T - CA - A - C - A - - - - - G - - - - -	C - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9017
09.cpx.GH.96.96GH2911	- - - - - G - A - TT-A-GT-GR - - - - - C - T - CT - T - CA - AC - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8215
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	- - - - - G - A - TT-A-GT-CT - - - - - C - C - G - GC - AT - - - - - G - G - - - - -	AGAA - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8395
11.cpx.CM.95.95CM.1816	- - - - - T - AA - TT-A-R - - - - - G - G - - - - - C - T - GG - AA - T - A - C - C - T - G - - - - -	GAG - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8448
12.BF.AR.95.ARMA159	- - - - - TG - - - - A - TT-A-C-GG - - - - - C - T - GG - - - - - C - T - CG - A - - - - - G - - - - -	GG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9005
13.cpx.CM.96.96CM.1849	- - - - - R - T - - - - A - TT-A-CT-GG - - - - - G - T - - - - T - CA - C - A - - - - - G - - - - -	GGG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8465
14.BG.ES.05.XI870	- - - - - T - A - - - - T - A - C - G - - - - - G - A - - - - - T - TG - - - - T - CA - C - A - - - - - G - - - - -	CTCA - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8546
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	- - - - - T - G - - - - A - TT-A-C-C - - - - - G - A - - - - - T - TG - - - - T - CA - C - A - - - - - G - - - - -	GAG - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8415
16.AD.KR.99.KR0084	- - - - - T - A - - - - T - A - C - G - G - - - - - G - G - - - - - T - AT - - - - - G - - - - -	AGA - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8437
17.BF.AR.99.AR0038	- - - - - TG - - - - A - TT-A-G-G - G - G - - - - - C - G - - - - - T - CA - C - A - G - C - A - - - - - G - - - - -	AGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8233
18.cpx.CU.99.CU76	- - - - - AG - - - - C - A - GGA - CG - G - - - - - G - T - GGA - AC - - - - - G - G - - - - -	CGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8369
19.cpx.CU.99.CU7	- - - - - T - A - - - - A - G - - - - - C - T - CA - G - - - - - G - G - - - - -	CGAC - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8105
20.BG.CU.99.CU103	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	CTCG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8486
21.A2D.KE.99.KER2003	- - - - - C - T - - - - A - TT-A-CT-G - - - - - G - G - - - - - C - T - GG - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8235
22.01A.CM.01.01CM.0001BBY	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	TGAG - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8222
23.BG.CU.03.CB118	- - - - - T - A - - - - T - A - C - G - - - - - G - A - - - - - T - TG - - - - T - CA - C - A - - - - - G - - - - -	A - T - A - - - - - G - - - - -	8495
24.BG.ES.08.X2456_2	- - - - - T - A - - - - T - C - CT - GG - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	TTCA - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8530
25.cpx.CM.02.1918LE	- - - - - T - A - - - - T - C - CT - GG - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	TCAGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8275
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	- - - - - TG - - - - A - TT-A-T - - - - - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	GG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9052
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	- - - - - T - A - - - - T - C - CT - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	CAGT - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9063
28.BF.BR.99.BREPM12699	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	C - C - G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8453
29.BF.BR.01.BREPM16704	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	C - C - G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8500
30.BF.BE.01.01BE.0159	- - - - - C - T - - - - A - TT-A-T-G - - - - - G - G - - - - - C - T - CG - A - - - - - G - - - - -	AGAA - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8559
31.BF.BE.01.01BE.0159	- - - - - TG - - - - A - TT-A-T-G - - - - - G - G - - - - - C - T - CG - A - - - - - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8666
32.01B.ID.97.JKT189_C	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8347
34.01B.TH.99.OUR2478P	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	AAT - AGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8206
35.AD.AF.07.169H	- - - - - T - T - A - T - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	CGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8240
36.cpx.CM.00.00CMNYU830	- - - - - T - T - A - T - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8261
37.cpx.CM.00.00CMNYU926	- - - - - T - T - A - T - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	CCCA - T - A - - - - - G - - - - -	8247
38.BF.BI.97.07.07MKT021	- - - - - G - - - - A - TT-A-C-G - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8436
39.BF.BR.04.04BRRIJ179	- - - - - G - - - - A - TT-A-C-G - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	GAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8517
40.BF.BR.05.05BRRIJ055	- - - - - G - - - - A - TT-A-C-G - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8555
42.BF.LU.03.LuBRI.05_03	- - - - - C - T - - - - A - TT-A-C-G - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8502
43.026.SA.03.JI1223	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8568
44.BF.CL.09.CH80	- - - - - AA - TG - - - - A - TT-A-C-C - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	AAT - AGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8455
45.cpx.FR.04.04FR.AUK	- - - - - AA - TG - - - - A - TT-A-C-T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8455
46.BF.BR.07.P1842_FPS625	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	AG - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8457
47.BF.BR.08.P1842	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	TGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8269
48.01.MY.07.07MKT021	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8488
49.cpx.GM.03.N26677	- - - - - C - T - - - - A - TT-A-C-G - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8243
51.01B.SG.11.11SG.HM021	- - - - - T - C - - - - A - TT-A-C-G - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8363
52.01B.MY.03.03MYKU018_1	- - - - - T - C - - - - A - TT-A-C-G - G - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8377
53.01B.MY.11.11FIR164	- - - - - T - A - - - - A - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	AGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8487
54.01B.MY.09.09MYSB023	- - - - - T - A - - - - A - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	GG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8368
55.01B.CN.10.NHCS102056	- - - - - T - A - - - - A - G - - - - - C - T - CA - C - A - - - - - G - G - - - - -	AGAA - G - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8409
0.BE.87.ANT70	- - - - - CAGATC - CA - G - AT - A - C - G - CTAGA - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - -	A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9126
0.CM.91.MVP5180	- - - - - T - TC - CA - G - AT - A - C - G - CTAGA - G - G - AT - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - -	AG - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9149
0.CM.98.98CM104	- - - - - MA - CTC - CA - G - AT - A - C - G - CTAGA - G - G - AT - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - -	AGAT - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8630
0.FR.92.VAU	- - - - - CA - ATC - CA - G - AT - A - C - G - CTAGA - G - G - AT - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - -	A - A - GA - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8698
0.SN.99.99SE.MP1299	- - - - - CA - ATC - CA - G - AT - A - C - G - CTAGA - G - G - AT - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - -	AGGC - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9188
0.US.10.LTNP	- - - - - T - C - CA - G - AT - A - C - G - CTAGA - G - G - AT - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - -	A - AG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9066
0.US.97.97US08692A	- - - - - T - A - - - - T - C - CTAGA - G - G - AT - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - -	GG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8610
N.CM.02.DJ00131	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	AG - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8515
N.CM.04.04CM.1015_04	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	AGGG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8484
N.CM.06.01U4842	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	AGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8484
N.CM.95.YBF30	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	AGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8540
N.CM.97.YBF106	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	AGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8630
N.FR.11.NI.FR.2011	- - - - - T - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	ASAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8573
P.CM.06.U14788	- - - - - T - A - - - - T - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	ACGC - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8409
P.FR.09.RFB168	- - - - - G - - - - A - TT-A-C-C - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	AGAG - A - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8409
CPZ.CD.06.BF1167	- - - - - G - - - - A - TT-A-C-C - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	GAA - C - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9232
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	- - - - - C - GG - A - - - - T - C - C - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	AGAA - C - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	8575
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	- - - - - G - - - - A - TT-A-C-C - G - G - - - - - C - C - C - T - CCAA - A - CCT - A - TC - - - - - G - - - - -	TGAA - C - - - - - A - C - - - - - G - - - - -	9113
CPZ.US.85.US_Marilyn	- - - - - C - T -		

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

B.FR.83.HXB2	CCACTGACCTTGGATGGTCTACAAGCTAGTAGTACCAAGCTGAGCCAGATAAGATAAGAG...GCCAATAAAGGAGAGAACACCAGCTGTACACCTGTGAGCCCTGCATGGGATGGAT...GACCGGGAGAGAAGTGTAGGTGGAGGGTTGACAGCCGCT 9362
Nef	P L T F G W C Y K L V P V E P D K I E E A N K G E N T S T L H P V S L H G M D . . . D P E R E V L E W R F D S R L
G.PT.X.PT3306	-C - -G - T - A - -A-G-A- -AG - -A - -C-T - -A-T-A - -A-C-T - -A - -G - -G-A-C-A - -C-G-T-A - -A - -A - -9377
G.SE.93.SE615_G6165	-C - -G - T - A - -A-G-T - -CAG - -G-A - -A - -A-T-A - -A-C-T - -A - -G - -G-A-C - -C-G-T - -A - -TA - -8804
H.BE.93.VI991	-C - -G - T - A - -A - -A-T - -C-GG-TG-G - -A - -G - -A - -T-A - -A-A - -G - -T-A - -A - -A - -8765
H.BE.93.VI997	-C - -G - T - A - -A - -A-T - -C-GG-G - -A - -G - -A - -T-C - -A - -G - -A - -G - -T-GA - -G - -C-GA - -A - -TC - -8680
H.CF.90.056	-C - -G - T - A - -A - -A-T - -C-GG-G - -A - -G - -A - -T-C - -A - -G - -A - -G - -TGAC - -G - -C-GAT - -AA - -TC - -8685
H.GB.00.006BAC4001	-C - -TG - -T - -A - -A - -A-T - -C-GG-G - -A - -G - -A - -T-C - -A - -G - -A - -G - -TGAA - -A - -C-G-TA - -A - -T-A - -8814
J.CD.97.J.97DC.KTB147	-T - -G - -T - -K - -A-GAG - -G-A - -T - -G - -A - -A-T-C-Y - -CA - -A - -A - -G - -TGAA - -C - -AT - -A - -ATC - -8327
J.CM.94.04CMU1421	-Y - -G - -T - -A - -T - -AGCG - -G-A - -T - -G - -A - -A-T-C - -CA - -A - -A - -G - -TR-A - -AR - -AT - -A - -Y-STTC - -8897
J.SE.93.SE9288_7887	-T - -A - -T - -T - -AGCG - -G-A - -T - -G - -A - -A-T-C - -CA - -A - -A - -G - -TGAA - -A - -C - -A - -TC - -8660
J.SE.94.SE9173_7022	-T - -A - -T - -T - -AGCG - -G-A - -T - -G - -A - -A-T-C - -C-CAT - -A - -A - -G - -TGAA - -A - -C-A - -A - -TC - -8670
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-T - -G - -T - -A - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -A - -A - -G - -TGAA-C - -A - -A - -A - -TTC - -8345
K.CM.96.96CM.MP535	-T - -G - -T - -A - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -A - -A - -G - -TGAA-C - -A - -A - -A - -TTC - -8349
01.AE.AF.07.569N	-TGT - -T - -A - -C - -AGC-CAG - -G-A - -A - -C - -A - -T-C - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GATA - -A - -TGC - -8628
01.AE.CN.09.1119	-ATGT - -T - -A - -C - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGC - -8605
01.AE.HK.04.HK001	-TGT - -T - -A - -C - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGC - -8744
01.AE.JP.X.DR6492	-TGT - -T - -A - -C - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TC-T - -9000
01.AE.TH.04.AT1111	-G - -TGT - -T - -A - -C - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGC - -9265
01.AE.TH.09-AA111a.WG11	-TGT - -T - -A - -C - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGC - -8813
01.AE.VN.98.98VNND15	-TGT - -G - -T - -A - -C - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGC - -8653
02.AG.08.DE00208CM001	-A - -G - -T - -A - -C - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGC - -8930
02.AG.ES.06.P1261	-C - -G - -T - -A - -C - -AGAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGC - -8653
02.AG.FR.91.D1263	-G - -T - -A - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGC - -8732
02.AG.GH.03.03GH181AG	-G - -T - -A - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TGA - -8930
02.AG.LR.x.POCC44951	-G - -T - -A - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAA - -8889
02.AG.NG.x.IBN9	-G - -T - -A - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8597
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	-G - -A - -G - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8571
02.AG.US.06.562.2696.FL01	-G - -A - -G - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8571
02.AG.UZ.02.02020683	-G - -A - -G - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8571
03.AR.RZ.97.0153.2	-A - -A - -G - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8571
04.DP.CY.94.0406032.3	-TG - -G - -T - -T - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8771
05.DP.BE.v.VII310	-T - -G - -T - -T - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8771
06.cpx.AU.96.BFP90	-T - -G - -T - -T - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8705
07.BC.CN.98.98CN09	-G - -T - -G - -T - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAA - -9339
08.BC.CN.06.nx2	-G - -T - -G - -T - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAA - -8554
09.cpx.GH.96.96GH2911	-T - -G - -T - -G - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAA - -8554
10.CD.TZ.96.96GTZ.BF061	-T - -G - -T - -G - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8717
11.cpx.CM.95.95CM.1816	-TGT - -T - -G - -T - -A - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8770
12.BF.AR.95.ARMA159	-TGT - -G - -T - -A - -C - -AGG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8937
13.cpx.CM.96.96CM.1849	-TGT - -A - -T - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8787
14.BG.ES.05.X1870	-C - -G - -T - -A - -A - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8868
15.01B.TH.99.99TH.MU2079	-TG - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8737
16.AD.KR.99.97KR0094	-A - -A - -G - -T - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8779
17.BF.AR.99.AR00338	-C - -A - -G - -T - -A - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8545
18.cpx.CU.99.CU76	-C - -A - -G - -T - -A - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8591
19.cpx.CU.99.CU7	-T - -G - -T - -A - -CAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8427
20.BG.CU.99.CU103	-G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8808
21.A2D.KE.99.KER2003	-A - -A - -T - -C - -TC - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8557
22.01AC.CM.01.01CM.0001BBY	-G - -T - -A - -C - -ACAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8372
23.BG.CU.03.CB118	-G - -T - -A - -C - -ACAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAT - -C-AG - -C-GAT - -A - -TAC - -8817
24.BG.ES.08.X2456.2	-G - -T - -A - -C - -ACAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAT - -C-AG - -C-GAT - -A - -TAC - -8852
25.cpx.CM.02.1918LE	-T - -G - -T - -A - -C - -ACAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAT - -C-AG - -C-GAT - -A - -TAC - -8425
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	-A - -A - -G - -T - -A - -C - -ACAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAT - -C-AG - -C-GAT - -A - -TAA - -9374
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-C - -A - -G - -T - -A - -C - -ACAG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -9385
28.BF.BR.99.BREPM12699	-TT - -G - -T - -A - -C - -AC - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8775
29.BF.BR.01.BREPM16704	-T - -G - -T - -A - -C - -AGG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8822
31.BC.BE.01.01EF142	-C - -G - -T - -A - -C - -AGG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8881
32.BE.CE.01.01EF149	-T - -G - -T - -A - -C - -AGG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8898
33.01B.ID.97.JKT189.C	-TGT - -T - -A - -C - -AGG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8669
34.01B.TH.99.OUR2478P	-T - -G - -T - -A - -C - -AGG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8516
35.AD.AF.07.169N	-T - -A - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8562
36.cpx.CM.00.00CMNYU1930	-T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8410
37.cpx.CM.00.00CMNYU1926	-T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8396
38.BF11.UY.03.UY03.3389	-A - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8758
39.BF.BR.04.04BRRJ179	-T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8839
40.BF.BR.05.05BRRJ055	-C - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8877
42.BF.LU.03.LuBf.05.03	-C - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8824
43.026.SA.03.J11223	-T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8890
44.BF.CL.09.CH08	-G - -T - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8777
45.cpx.FR.04.04FR.AUK	-T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -9344
46.BF.FR.07.07FB.PFS625	-G - -T - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8738
47.BF.FR.08.P1942	-T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8779
48.BF.FR.07.07MKYK021	-TGT - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8519
49.cpx.GM.03.N26677	-T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8565
51.01B.SG.11.11SG.HM021	-C - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8685
52.01B.MY.03.03MYKL018.1	-ATGT - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8699
53.01B.MY.11.11FIR164	-ATGT - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -9023
54.01B.MY.09.09MYSB023	-ATG - -C - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8809
55.01B.CN.10.HNC5102056	-ATGT - -C - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8690
0.BE.87.ANT70	-A - -T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8637
0.CM.91.MVP5180	-T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -9474
0.CM.98.98CMIA04	-C - -A - -T - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -8955
0.FR.92.VAU	-T - -A - -CTA - -TT - -G - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -9023
0.SN.99.99SE.MP1299	-T - -A - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -C - -A - -T-C - -G - -CA - -A - -A - -G - -GAA - -A - -C-GAT - -A - -TAC - -9513
0.US.10.LTNP	-A - -T - -TA - -GACAGA - -G - -G - -A - -G - -C - -T - -GGG - -T - -AC - -T - -A - -C - -T - -A - -T - -A - -T - -ATCT - -9103
0.US.97.97US08692A	-T - -A - -G - -T - -A - -C - -AG - -G - -A - -G - -C - -T - -GGG - -T - -AC - -T - -A - -C - -T - -A - -T - -A - -T - -ATCA - -8935
N.CM.02.DJ00131	-C - -A - -T - -A - -C - -AGCAG - -G - -A - -G - -C - -T - -GG - -T - -AC - -T - -A - -C - -T - -A - -T - -A - -T - -TC - -8837
N.CM.04.04CM.1015.04	-C - -A - -T - -A - -C - -AGCAG - -G - -A - -G - -C - -T - -GG - -T - -AC - -T - -A - -C - -T - -A - -T - -A - -T - -TC - -8806
N.CM.06.U14842	-CG - -A - -T - -A - -C - -GTCAG - -T - -AGCAG - -G - -A - -G - -C - -T - -GG - -T - -AC - -T - -A - -C - -T - -A - -T - -TC - -8637
N.CM.95.YBF30	-CY - -TG - -T - -A - -C - -GTCAG - -T - -AGCAG - -G - -A - -G - -C - -T - -GG - -T - -AC - -T - -A - -C - -T - -A - -T - -TC - -8895
N.FR.11.N1.NI.2011	-C - -A - -T - -A - -C - -GTCAG - -T - -AGCAG - -G - -A - -G - -C - -T - -GG - -T - -AC - -T - -A - -C - -T - -A - -T - -TC - -8731
P.CM.06.U14788	-C - -G - -T - -CTCTGAG - -TAG - -AGT - -G - -AATG - -GAG - -GAG - -G - -ATG - -AGC - -G - -T - -A - -CCT - -ACTT - -T - -TTC - -T - -TC - -8968
P.FR.09.RFB168	-T - -TGTAGA - -T - -TA - -T - -CA - -C - -CCAG - -A - -G - -G - -AT - -G - -GG - -ATCTAC - -GA - -C - -T - -TCT - -A - -G - -TGA - -T - -G - -TA - -T - -TC - -8988
CPZ.CD.06.BF1167	-T - -TGTAGA - -T - -TA - -T - -CA - -C - -CCAG - -A - -G - -G - -AT - -G - -GG - -ATCTAC - -GA - -C - -T - -TCT - -A - -G - -TGAAC - -T - -G - -TA - -T - -TC - -8901
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T - -CTGT - -T - -TA - -G - -T - -G - -C - -G - -A - -G - -G - -AT - -G - -GG - -ATCTAC - -GA - -C - -T - -TCT - -A - -G - -TGAAC - -T - -G - -TA - -T - -TC - -8901
CPZ.CP.06.SV1cpzTAN13	-T - -CTGT - -T - -TA - -G - -T - -G - -C - -G - -A - -G - -G - -AT - -G - -GG - -ATCTAC - -GA - -C - -T - -TCT - -A - -G - -TGAAC - -T - -G - -TA - -T - -TC - -8901
CPZ.CP.06.US.Marilyn	-C - -A - -A - -G - -T - -T - -C - -TC - -CACAGA - -G - -G - -AT - -G - -GG - -ATCTAC - -GA - -C - -T - -TCT - -A - -G - -TGAAC - -T - -G - -TA - -T - -TC - -8901

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

	TCF-1 alpha binding										Net end	
B.FR.83.HXB2 Nef	AGCATTTCATCACGGGGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACCTC.....	AAG	AAC	TGCTGACAT	CGAGCT	TGCTACA	9433
A1.AU.03.PS1044 Day0	A F H V A R E L H P E Y F	K	N	C	*					8667
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	G	AA	G	A	T	A	G					8647
A1.ES.06.X2116	G	AA	G	C	T	A	G					8695
A1.KE.06.06KEst_001	G	AA	G	A	AA	A	G					9495
A1.RU.11.1IRU6950	G	TC	AAA	TAGA	A	T	A	G				8698
A1.RW.07.prR463F	G	AA	A	A	T	A	A	G				9453
A1.SE.95.S8538	G	AA	G	AGA	AT	T	A	G				8643
A1.TZ.01.A341	G	CA	AA	AGA	A	T	A	G				8621
A1.UA.01.01UADN139	G	GC	AAA	A	AA	T	A	A	C			8679
A1.UG.07.p191845	G	CA	GAC	T	A	A	A	G				9568
A1.ZA.04.04ZASK162B1	G	AA	AA	C	A	T	A	A	C			8912
A2.CD.97.97CDK1B48	G	GC	GAGA	C	A	A	A	G				8808
A2.CM.01.01CM.1445MV	G	CG	GAGA	AGA	A	T	T	A				8664
A2.CY.94.94CY017_41	G	CGGAGA	AGA	A	A	A	A	G				8858
B.AR.04.04AR143174	-----	A	A	A	T	A	A	G				8609
B.AU.04.PS1038 Day174	-----	A	A	A	T	ATAAAACT	G					8613
B.BR.06.DEMB10CB0061	-----	A	A	A	A	A	A	A				8790
B.CA.07.502_1191_03	G	T	A	AA	A	A	GA	CGCTGACATCGAGAATTATA				8670
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408	G	A	C	G	TT	C	T	A				8901
B.CN.10.DEMB10CN002	C	C	A	A	A	A	GA					8658
B.CO.01.PCM001	C	C	A	C	T	A	G					8818
B.CU.09.Cu19	C	C	A	A	AAA	A	A	G				9000
B.CY.09.CY266	-----	A	A	A	A	A	G					8140
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131	-----	G	T	A	AA	C	TT	A				8748
B.DK.07.PMVL_011	-----	G	G	AA	A	A	G					8866
B.DO.05.05DO_160884	-----	A	A	A	A	A	G					8336
B.ES.09.P2149_3	-----	A	A	A	A	A	G					8870
B.FR.08.DEMB88FR002	-----	C	AA	A	A	A	A					8868
B.GE.03.03GEM2004	-----	A	A	A	A	A	G					8338
B.BR.09.09WMB129389	-----	A	A	A	A	A	G					8360
B.JM.07.07JM_KJ108	-----	C	AG	A	AA	T	A	A				9469
B.JP.05.DR6538	-----	A	A	A	A	A	G					9104
B.KR.07.07KYV4	-----	A	A	A	A	A	A	GAG ACTACAAAGAAATGCTGACACCAGAGC				9013
B.NL.09.671_00T36	-----	A	A	A	A	A	G					8875
B.PE.07.502_2649_w08	-----	C	TA	AA	T	T	A	A				8631
B.RU.11.11RU21n	-----	A	AA	A	TT	A	A	G				8961
B.TH.07.AA040a_WG11	-----	G	C	AG	A	AT	A	C				8769
B.TT.94.TWCYS_LM49	-----	G	AGA	A	A	A	Y					8390
B.UA.01.01UAKV167	-----	A	A	A	A	A	G					9409
B.US.02.ES38	-----	A	A	A	A	A	C					8691
B.UY.02.00T TSU1290	-----	C	A	T	AA	C	T					9400
B.VI.10.DEMBI0VE001	-----	C	C	A	AA	A	A	G				8685
B.YE.02.02YE507	-----	A	A	A	A	A	G					8820
C.AR.01.ARG4086	-----	CGCAGA	A	C	A	T	A	CAGAAGGGACTTTCCGCT				8655
C.CR.07.DEMB7BR003	-----	CGCAGA	A	C	A	T	A	CAGAAGGGACTTTCCGCT				8883
C.BN.00.00WMB1621	-----	CGCAGA	C	A	A	A	G	CAGAAGGGACTTTCCGCT				8793
C.CN.08.YNRL9940	-----	CGCAGA	G	TTXG6	2	-----	-----	CAGAAGGGACTTTCCGCT				8216
C.CY.89.CY268	-----	CRCA	AG	AK	C	T	A	CAGAAGGGACTTTCCGCTGACAGA				8853
C.ET.02.02ET_288	-----	CAACAGA	C	C	A	T	A	CAGAAGGGACTTTCCGCT				8689
C.GE.03.03GEM2033	-----	CGCAGA	C	C	A	TT	A	CAGAAGGGACTTTCCGCT				8668
C.IL.98.98IS002	-----	CGCAGA	A	C	T	A	A	CAGAAGGGACTTTCCGCT				8789
C.IN.03.D24	-----	CGCAGA	C	C	ACA	TT	A	CAGAAGGGACTTTCCGCT				9548
C.KE.07.KER2010	-----	CAACAGA	C	C	AA	T	A	G				8650
C.MM.99.mIDU101_3	-----	CGCAGA	C	AG	C	TT	A	G				8820
C.MW.93.93MW_965	-----	CGCAGA	C	C	AA	T	A	G				8636
C.SN.90.90SE536	-----	CAACAGA	A	C	A	TT	A	G				8385
C.SO.89.89SM_145	-----	CGCAGA	T	C	A	A	A	G				8687
C.TZ.02.02T	-----	CGCAGA	A	C	A	A	A	G				8637
C.UV.01.TRA3011	-----	G	CA	AGA	A	T	A	CAGAAGGGACTTTCCACT				8661
C.YE.02.02YE511	-----	G	CAACAGA	C	A	TT	A	CAGAAGGGACTTTCCGCT				8689
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-----	G	CGCAGA	C	A	T	A	CAGGAGGGACTTTCCGCT				8818
C.ZM.02.02ZM108	-----	G	CGCAGA	A	C	A	G	CAGAAGGGACTTTCCGCT				9501
D.CD.83.ELI	-----	G	G	AA	A	A	T	A				8972
D.CM.10.DEMD10CM009	-----	G	G	A	A	C	A	A				8805
D.CY.06.CY163	-----	G	G	A	G	AAGAT	T	A				8143
D.KR.97.ML415_2	-----	G	G	A	AA	AA	AT	T	A			8950
D.SN.90.SE365	-----	G	G	A	AA	A	A	T	A			9334
D.TD.99.MN011	-----	G	G	A	AA	AA	AA	T	A			9434
D.TZ.01.A280	-----	G	G	A	AA	A	AGCT	A	A			8643
D.UG.08.p191859	-----	G	G	A	AA	A	AA	T	A			8640
D.YE.02.02YE516	-----	G	G	A	AA	A	A	T	A			9479
D.ZA.90.R1	-----	G	G	A	AA	A	A	A	A			8627
F1.AR.06.AO_06.ANG125	-----	G	G	A	AA	A	A	A	A			8147
F1.AR.02.ARE933	-----	G	G	B	AA	A	AGA	T	A			8338
F1.BE.93.VI850	-----	G	G	C	AA	GAGA	A	T	A			8731
F1.BR.07.07BR844	-----	G	G	C	GGAGG	A	AAA	T	A			9251
F1.CI.08.08CI001	-----	G	G	C	GGAGA	A	AAAT	C	T			8006
F1.FI.93.FIN9363	-----	G	G	C	GA	A	AA	T	A			8759
F1.FR.96.96FR_MP411	-----	G	G	C	AA	AA	AAA	T	A			8753
F1.RO.96.BCI_R07	-----	G	G	C	AA	A	T	AA	A			8614
F1.RU.08.D88_845	-----	G	G	C	GGAGA	C	C	AA	T			9548
F2.CM.10.DEMF210CM007	-----	G	G	C	GGAGA	C	C	AA	A			8984
F2.CM.97.CM53657	-----	G	G	C	GGAGA	A	AA	AA	T			8612
G.BE.96.DRCBL	-----	G	G	C	GGAGA	T	A	A	A			9406
G.CM.10.DEMG10CM008	-----	G	G	T	CGGAGG	A	AAA	A	GAGAAGTGTGA			8813
G.CN.08.GX_2084_08	-----	G	G	T	CGGAGG	A	AA	T	GAGAAGTGTGA			8701
G.CU.99.Cu74	-----	G	G	T	CGGAGA	T	A	T	GAGAAGTGTGA			9075
G.ES.09.X2634_2	-----	G	G	T	CGGAGA	TC	A	T	GAGAAGTGTGA			8948
G.GH.03.03GH175G	-----	G	G	T	CGGAGA	-	A	A	GAGAAGTGTGA			9513
G.KE.93.HH8793_12_1	-----	G	G	T	CGGAGA	-	A	A	GAGAAGTGTGA			8832
G.NG.09.09NG_SC62	-----	G	G	T	CGGAGA	-	A	A	GAGAAGTGTGA			8627

	TCF-1 alpha binding										Net end			
B.FR.83.HXB2	AGCATTTCATCACGTGGCCGAGAGCTGCATCGGAGTAC	T	A	AAG	.AAC	.	TGCTGACAT	.	CGAGCT	.	TGCTACA	9433		
Nef	A F H H V A R E L H P E Y F	.	C-T-A-	-A	.G	N	C	*	C	.	.			
G.PT.X.PT3306	-CGGAGA-A-A-	.	-C-T-A-	-A	.G	.	.	.	AGCTGCTGACACTGATG-TG-TG	.	9459			
G.SE.93.SE6165_G6165	CGGAGA-A-A-	.	-C-T-A-	-A	.G	.	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8874			
H.BE.93.VI991	C-GAGA-AGA-AA	.	T-A-	-A	.G	.	C	.	AGAAAG-TGCTG	.	8839			
H.BE.93.VI997	C-GAGA-AGA-AA	.	T-A-	-A	.G	.	T-C	.	AGAAAGAT-CA	.	8752			
H.CP.90.056	GAAG-TAA-	T	AAA	T-A-	-A	.G	C	.	AGAAAGAT-GA	.	8953			
H.GB.00.00GBAC4001	AGA-AGA-A-A	A	AA	T-A-	-A	.G	C	.	TGCTGACACAGAA-G-TGCTG	.	8609			
J.CD.97.J.97DC.KTB147	G-CGAGA-TA-	.	TT-A-	AAAAA	CTGCTGACAA	G	A	.	AGAAG-TTCTA	.	8609			
J.CM.94.04CMU1422	CGGAGA-R-A	.	TT-A-	-A	.G	.	A	.	GGAAGWACAAGACTGCTG	.	8975			
J.SE.93.SE9288_7887	CGGAGA-A-A	.	TT-A-	-A	.G	.	A	.	AGAAG-TTCTAG	.	8730			
J.SE.94.SE9173_7022	CGGAGA-A-A	A	A	TT-A-	-A	.G	A	.	AGAAG-TTCTAG	.	8740			
K.CD.97.97ZR.EQTB11	CGAA-A-T-A	A	A	-A	-A	.G	8600			
K.CM.96.96CM.MPS53	CGAA-A-A	A	A	C-A	-A	.G	8604			
01.AE.AF.07.569N	CGAA-A-A	A	A	A-G	-A	.AT	A	.	AGAAG-TTCTA	.	8698			
01.AE.CN.09.1119	CGAA-A-A	A	A	A-G	-T	-AT	A	.	AGAAG-TTCTA	.	8675			
01.AE.HK.04.HK001	CGAA-A-C-A	A	A	A-C	-A	-T-AT	A	.	AGAAG-TTCTA	.	8814			
01.AE.JP.x.DR8492	CGAAAG-A-A	A	A	AAA-C	-A	-T-AT	A	.	AGAAG-TTCTA	.	8770			
01.AE.TH.09.00000001	CGAGA-A-A	A	A	A-C	-A	-T-AT	A	.	AGAAG-TTCTA	.	9434			
01.AE.TH.09.AA111a.WG11	CGAA-A-A	A	A	A-T	-AT	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8883			
01.AE.TH.90.CM240	CGAA-A-A	A	A	A-T	-AT	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8999			
01.AE.VN.98.98VWNND15	CGAA-A-A	A	A	A-T	-AT	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8723			
02.AG.CM.08.DE00208CM001	G-G-G-A	A	TAAG	-T-A-	-A	-G	.	.	AGAAG-TGCTG	CA	8904			
02.AG.ES.06.P1261	G-ACAAGA-A-T-A	A	A	T-A-	-A	-G	.	.	AGAAG-TGCTG	.	8891			
02.AG.FR.91.D1263	G-CGCAAG-AGA-T	A	A	AAA-C	-A	-G	.	.	AGAAG-TGCTG	.	8828			
02.AG.GH.03.03GH181AG	G-G-A-G-C-A-TA	AAA-C	T-A	-A	-G	.	T	CAGAACTGCTGACGGGGACTTC	AGAAG-TGCTG	9521				
02.AG.LR.x.POCA44951	G-C-A-A-AGA-T-A	A	T-A	-A	-G	.	C	.	AGAAG-TGCTG	.	9433			
02.AG.NG.I.BN1	G-CAGA-ACA-TA	A	A	-A	-G	.	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8959			
02.AG.SN.98.98SE.MP1211	G-CAGA-ACA-T	A	A	-A	-G	.	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8667			
02.AG.US.05.502.2696.FL01	G-CAGA-AGA-T	A	T-A	-A	-G	.	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8641			
02.AG.UZ.02.02020683	G-TC-ACA-A-AGA-T	A	A	T-A	-A	-G	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8653			
03.AR.RZ.97.00000002_3	G-ACAGA-A-A	A	A	A-T	-A	-G	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8610			
04.CP.CY.94.0400032_3	G-G-AAGA-A-A	A	A	A-T	-A	-G	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8644			
05.DP.BE.x.VII310	G-G-AAGA-A-A	A	A	A-T	-A	-G	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8879			
06.CP.XAU.96.BFP90	-AGGAGA-A-A	A	A	AAA	T-T	-A	G	.	AGAAGGGACTTCCCGG	GGCTGCTGACAAAGA-TTCTA	9489			
07.BC.CN.98.98CN09	-CACAGA-AG-C-A-A	A	T-T	-A	-G	.	T	CAGAAGGGACTTCCGCC	AGAAGGGACTTCCGCC	8780				
08.BC.CN.06.nx2	-CACAGA-TG-C-A-A	A	T-T	-A	-G	AAC	C	.	AGAAG-TTCTA	.	9414			
09.cpx.GH.96.96GH2911	-C-GA-YA-A-A	A	A	AAA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8604			
10.CD.TZ.96.96TZ.BF061	-CACAA-C-A-C	A	A	T-A	-G	-T	A	CAGA	AGAAG-TTCTA	.	8778			
11.cpx.CM.95.95CM.1816	C-CGAA-G-A-A	A	C-T-A	AAA	A-GG	AT	T-A	G	AGAAG-TGCTG	.	8846			
12.BF.AR.93.ARMA159	G-GC-AAGA-T-A-A	AAA	A	GG	AT	-A	G	TGAGAC	AGAAG-TGCTG	.	9418			
13.CP.CM.96.96CM.1849	CGAA-A-A	A	A	T-A	-A	-G	C	.	AGAAG-TTACAT	.	8857			
14.BG.ES.05.X1870	-CGGAGA-A-A	A	A	G	T-T	-A	G	.	AGCTGCTGACACAGAAG-TGCTG	.	8950			
15.AD.KR.99.99TH.MU2079	CGAA-A-A-A	A	A	T	-AT	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8807			
16.AD.KR.99.97KR0084	T-C-GGA-A-AAA	A	A	T-A	-AT	-A	G	.	AGAAG-TGCTGACACAGAAG-TGCTG	.	8864			
17.BF.AR.99.AR00038	G-CGAGA-A-A	A	A	AGA	A-T	-A	C	TGAGAC	GAGATTGCTGA-ACAGAAGAATCT	.	8635			
18.cpx.CU.99.CU76	G-CGAGA-A-A	A	A	AA	A-T	-A	C	.	AGAAG-TGCTG	.	8761			
19.cpx.CU.99.CU7	G-G-R-AA	A	A	ATAAA	C	A-T	A	.	AGAAG-TGCTG	.	8498			
20.BG.CU.99.CU103	-CGGAGA-T-A	A	A	AA	A-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8878			
21.A2D.KE.99.KER2003	G-C-GA-A-AGA	A	A	AA	A-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8650			
22.01A1.CM.01.01CM.0001BBY	-CGGAGA-A-A	A	A	G	C-T-A	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8372			
23.BG.CU.03.CB118	-CGGAGA-A-A	A	A	G	C-T-A	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8887			
24.BG.ES.08.X2456_2	-CGGAGA-A-A	A	A	G	C-T-A	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8922			
25.cpx.CM.02.1918LE	-CGGAG-G-ACA-C	A	A	T-A	AAAGACT	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8425			
26.AU.CD.02.02CD.MBTB047	-C-AAGA-T-A	A	A	AAA	T-A	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	9444			
27.cpx.FR.04.04CD.FR.KZS	-C-AAGA-T-A	A	A	AAA	T-A	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	9455			
28.BF.BR.99.BREPM12699	G-A-A-A	A	A	AA	T-A	-A	G	.	T-G-	.	8853			
29.BF.BR.01.BREPM16704	-CGGAGA-A-C-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	T-	.	8893			
30.BC.CE.01.00000009	-CGGAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8956			
31.01B.ID.97.JKT189	G-CGAA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8739			
32.01B.TH.99.OUR2478P	-CGAA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8586			
33.01B.TH.99.OUR2478P	G-ACAA-AAA	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8632			
34.01B.AF.07.169N	-CGAA-G-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8410			
35.01B.CM.00.00CMNYU830	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8396			
36.cpx.CM.00.00CMNYU926	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8864			
37.BF.BR.01.0000000339	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8910			
38.BF.BR.04.04BRRRJ179	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8948			
39.BF.BR.05.05BRRJ055	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8895			
40.BF.LU.03.lUBT.05.03	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8973			
41.026.SA.03.J11223	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	8858			
42.BF.CL.04.CH80	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TGCTG	.	9358			
43.BF.FR.04.04FR.AUK	G-CAAAAG-A-T-A	A	A	AA	TGATT	-T-A	C	GATG-TGAGG	AGAAG-TGCTG	9558				
44.BF.FR.07.P1942	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTAC	.	8826			
45.BF.FR.07.P1942	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGGAG-TTCTA	.	8850			
46.BF.FR.07.P1942	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGGAG-TTCTA	.	8661			
47.BF.FR.07.07MKT021	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8519			
48.cpx.GM.03.N26677	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8636			
49.cpx.GM.11.11SG.HM021	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8755			
50.BF.BR.01.03MYK0181_1	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8769			
51.BF.BR.01.11FR164	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8879			
52.BF.BR.01.09MYSB023	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8760			
53.BF.BR.01.11FR164	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8760			
54.BF.BR.01.09MYSB023	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8760			
55.BF.BR.01.10.HNC5102056	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8760			
0.BE.87.ANT70	-GCAACACC-T-T	A	T	TATGATAACT-C	A-C	T-C	-GAG	TAAAAA	C	-C-	.	AGAAG-TGCTG	.	9523
0.CM.91.MVP5180	-GCAACACC-T-T	A	T	TATGATAACT-C	A-C	T-C	-GAG	TAAAAA	C	-C-	.	AGAAG-TGCTG	.	9526
0.CM.98.98CMA104	-GCC-CACC-T-T	A	T	TAAGATAACA-C	A-C	T-C	-GAG	TGAAAC	C	-C-	.	AAAGGGAC-TTCC	.	9042
0.FR.92.VAU	-CAACACC-T-T	A	T	T-ATAACT-C	A-C	T-C	-GAG	TAAAAC	C	-C-	.	AGGAAG-TTAC	.	9094
0.SN.99.99SE.MP1299	-GCC-CACC-T-T	A	T	TATG-TAACC-C	A-C	T-C	-GAG	TAAAAC	C	-C-	.	AGAAG-TGCTG	.	9584
0.US.10.LTNP	-GCC-CACC-T-T	A	T	TATG-TAACC-C	A-C	T-C	-GAG	TAAAAC	C	-C-	.	AGAAG-TGCTG	.	9103
0.US.97.97US08692A	G-CGAAACACC-T-T	A	T	TAAGATAACC-C	A-C	T-C	-GAG	TAAAAC	C	-C-	.	AGAAG-TGCTG	.	9006
N.CM.02.DJ00131	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	C-T-T	-A	G	.	AGAAG-TTCTA	.	8907			
N.CM.04.04CM.1015_04	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	C-T-T	-A	G	.	AGGAG-TTCTA	.	8884			
N.CM.06.U14842	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	GGGAC-TTAC	TA	8637			
N.CM.95.YBF30	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	GGGAC-TTAC	TGCTGACAG	9030			
N.CM.97.YBF106	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	GGGAC-TTAC	TGCTGACAG	8962			
N.FR.11.N1.FR.2011	G-C-GAGA-A-A	A	A	AA	T-T	-A	G	.	GGAG-TTAC	TGCTGACAG	8809			
P.CM.06.U14788	T-G-GAGA-A-T-T	A	T	T-T-C-AAA-C	-C	-ACTG	-TATT	-A	G	TAAAT	.	GGGAC-TTAC	.	9034
P.FR.09.RBF168	G-G-GAGA-A-T-T	A	T	T-C-AAA-C	-C	-ACTG	-TACT	-A	G	TAAAG	.	GGGAC-TTAC	.	9554
CPZ.CD.06.BF1167	G-TAGAAGA-A-A	A	A	A	AGA	-	-	-A	TAAAG	.	GAGATTGCTGA-ACAGAAGAATCT	.	9625	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	G-TG-CAGA-TC-A	A	A	AA	AA	-	-	-A	TAAAG	.	GGGAC-TTAC	.	8983	
CPZ.CP.06.GAB1	G-TG-CAGA-TC-A	A	A	AA	AA	-	-	-A	TAAAG	.	GGGAC-TTAC	.	9513	
CPZ.CP.06.SIVcpzTAN13	G-TG-CAGA-TC-A	A	A	AA	AA	-	-	-A	TAAAG	.	GGGAC-TTAC	.	9114	
CPZ.CP.06.SIVcpzTAN13	G-TG-CAGA-TC-A	A	A	AA	AA	-	-	-A	TAAAG	.	GGGAC-TTAC	.	9489	
CPZ.CP.06.SIVcpzTAN13	G-TG-CAGA-TC-A	A	A	AA	AA	-	-	-A	TAAAG	.	GGGAC-TTAC	.	9489	

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA box	3' LTR U3 end 3' LTR repeat start	TAR element start
B.FR.83.HXB2	A.GGGACTTTCC.	G..CTGGGACTTTCCA..	GGGGAGCGTGGGCCT..	GGGGGGACTGGGAGTGGCAGGCCCTAGATCTGCATAAAGCAGCTGCTTTGCCTGACTGGTCTCT.	9546			
A1.AU.03.PS1044 Day0	C-A	A..GCA..	A-G-T-T..	AGT..T-A..G..	C-C..			8667
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538	CT..	GC..	G-T-TT..	AGT..T-A..G..	C..			8774
A1.EG.06.X2110	C..	GC..	A-T-TT..	AGT..T-A..G..	C..			9609
A1.ES.02.60000	C..	GC..	G-T-TT..	AGT..T-A..G..	C..			8762
A1.KE.06.06KEst 001	C..	GC..	A-T-TT..	AGT..T-A..G..	C..			
A1.RU.11.11RU6950	C..	GC..	G-T-TT..	AGT..T-A..G..	C..			9115
A1.RW.07.pR463F	C..	GC..	G-T-TT..	AGT..T-A..G..	C-C..T..			9568
A1.SE.95.SE8538	C..	GC..	G-T-TT..	AGT..T-A..G..	C-C..T..			8758
A1.TZ.01.A341	C..	A..	GC..	AGT..T-A..G..	C..			8736
A1.UA.01.01UADN139	C..	T..	GC..	AGT..T-A..G..	C-C..A..			8793
A1.UG.07.p191845	C..	T..	GC..	AGT..T-A..G..	C-C..T..			9683
A1.ZA.04.04ZASK162B1	A..	AC..	G-T-TT..	AGT..T-A..G..	C..			9040
A2.CD.97.97CDKT848	C..	AC..	G-T-TG..	AGT..T-A..G..	GC..			8921
A2.CM.91.01CM 1445MV	C..	AC..	A-T-TG..	AGT..T-A..G..	C-C..T..			8771
A2.CY.94.94CY017_41	CG..			AGT..T-A..G..	C-C..A..			8972
B.AR.04.04AR14317			T..		G..			8721
B.AU.04.PS1038 Day174								8603
B.BG.09.DEMB09B0061								8902
B.BR.09.0BR09								8974
B.CA.07.1119_03								9015
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408								8763
B.CN.10.DEMB10CN002								8931
B.CO.01.PCM001								8730
B.CU.99.Cu19								9056
B.CY.99.CY266								8140
B.DE.04.HIV DE BID_V4131								8847
B.DK.07.PMVL 011								8892
B.DO.05.05DO 160884								8336
B.ES.09.P2149 3								8911
B.FR.08.DEMB08FR002								8992
B.GE.03.03GEM004								8748
B.H1.05.05HT 129389								8398
B.JP.05.05JM101J108								8560
B.KR.07.07KY4								9323
B.NL.00.671_00T36								9128
B.PE.07.502_2649 w08								9126
B.PY.03.03PY PSP0115								8988
B.RU.11.11RU21n								8743
B.TH.07.AA040a WG11								9075
B.TT.01.01TT CRC5069								8881
B.TW.94.TWCYS LM49								8390
B.UA.01.01UAKV167								9521
B.US.11.ES38								8805
B.UY.02.02UY TSU1290								9514
B.VE.10.DEMB10VE001								8798
B.YE.02.02YE507								8932
C.AR.01.ARGA006	A..	CG-C..	CA-G-A-T..	-TC-A..G..	GC..			8765
C.BR.01.DEMC07BR003	A..	CG-C..	CA-A-T..	-C-A..G..	C..			8992
C.CU.00.00BW07621	A..	CG-C..	CA-A-T..	-A-C..G..	C..			8493
C.CN.99.10099840								8493
C.CY.99.CY266								8216
C.ES.07.X2118_2								8921
C.ET.02.02ET 288								8797
C.GE.03.03GEM2033								8778
C.IL.98.98IS002								8897
C.IN.03.D24								9657
C.KE.00.KER2010								8760
C.MM.99.MIDU101_3								8929
C.MW.93.93MW 965								8746
C.SN.90.90SE 364								8695
C.SO.89.89SM 145								8797
C.TZ.02.02TZ								8637
C.US.98.9US MSC3018								8337
C.VA.01.01VA01								8711
C.YE.02.02YE511								8799
C.ZA.10.DEMC10ZA001								8927
C.ZM.10.02ZM108								9610
D.CD.83.ELT								9085
D.CM.10.DEMD10CM009								8917
D.CY.06.CY163								8143
D.KE.97.ML415_2								9064
D.KR.04.04KBHB								9448
D.SN.90.SE365								9547
D.TD.99.MN011								8757
D.TZ.01.A280								8752
D.UG.08.p191859								9590
D.YE.02.02YE516								8740
D.ZA.90.R1								8903
F1.AO.06.A_06.ANG125								8147
F1.AR.02.ARE933								8338
F1.BE.93.VI850								8844
F1.BR.07.0BR844								9356
F1.CY.08.CY222								8096
F1.ES.08.08E5001								8873
F1.FI.93.FIN9363								8366
F1.FR.96.95FR MP411								8664
F1.RO.96.BCI R07								9049
F1.RU.08.D88 845								8887
F2.CM.10.DEMF210CM007								8725
F2.CM.97.CM53657								9533
G.BE.96.DRCBL	TAAGTTGCTGACA-A..		AA-A-G-CG-CCAGA..	TCA..G..	C..C..			8929
G.CM.10.DEMG10CM008	CA-G..		A-A-G-CG-GCCAGA..	TTA..G..				8828
G.CN.08.GX_2084_08	GATGTTGCTGACA-G..		A-A-G-CG-CCAGA..	TCA..G..	C..C..			9098
G.CU.99.Cu74	C-A..		GA-A-G-CG-TCCAGA..	T..G..	C..C..			9007
G.ES.69.X2634_2	CAAG..	A..	G-C..	T..A..	G..C..			9639
G.GH.03.03GH175G	GAAAGTTGCTGACA-G..		G-C..	A..G..	AG..C..			8948
G.KE.93.HH8793_12_1	CAAG..		G-C..	T..A..	AG..C..			8753
G.NG.09.09NG_SC62	AATGTTGCTGACA-..		G-C..	T..A..	AG..C..			

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA box	3' LTR U3 end 3' LTR repeat start	TAR element start
B.FR.83.HXB2	A.GGGACTTCC.	G..CTGGGACTTTCA.	GGGAGCGTGGCCT.	GGGGGGACTGGGAGTGGCAGGCCCTAGATCTGCATAAAGCAGCTGCTTTTGCCGTACTGGCTCT.	9546	C.....	C.....	9566
G.PT.x.PT3306	CAAG.....	A.....CT.	G.....C.....	A.....GT.....T-A.....AG.....	8990	C.....	C.....	8990
G.SE.93.SE6165_G6165	CAAG.....	A.....CT.	G.....C.....	A.....GT.....T-A.....AG.....	8863	C.....	C.....	8863
H.BE.93.VI991	GAAGATTCTATAC.	GCT.....T.	G.....T-T.....	A.....GA-T.....T-A.....G.....	8864	C.....	C.....	8864
H.BE.93.VI997	C.....	GCT.....C.....	G.....C-T.....	GA.....T.....T-A.....G.....	9074	C.....	C.....	9074
H.CF.90.056	C.....	GCT.....C.....	G.....C-T.....	GA.....T.....T-A.....G.....	8864	C.....	C.....	8864
H.GB.90.00GBAC4001	C.....C-C.....AGA-T.....	ACAGAGACG-T.	C-G-T.....T	GT.....T-A.....G-A.....A.....	8855	C.....	C.....	8855
J.CD.97.J97DC_KTB147	AG.....	A.....T-T-C-T.....	GT.....T-A.....G-A.....A.....	T-A.....G-A.....A.....	8855	C.....	C.....	8855
J.CM.04.04CMU1421	CAAC.....	G.....T.....	RGT.....T-A.....AG.....	T-A.....G-A.....A.....	8855	C.....	C.....	8855
J.SE.93.SE9288_7887	CG.....	G.....A.....	GT.....T-A.....G.....	T-A.....G-A.....A.....	8855	C.....	C.....	8855
J.SE.94.SE9173_7622	CG.....	G.....T.....	GT.....T-A.....G.....	T-A.....G-A.....A.....	8855	C.....	C.....	8855
K.CD.97.97ZR_EQTB11					8600			8600
K.CM.96.96CM_MP535					8604			8604
01 AE.AF.07.569N	CT.A.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....GC.....	8762			8762
01 AE.CN.09.1119	CT.AA.....	G.....T.....TG.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....GC.....	8789			8789
01 AE.HK.04.HK001	CT.A.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....GC.....	8928			8928
01 AE.JP.x.DR0492	CT.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....GC.....	9584			9584
01 AE.TH.04.BMT	CT.A.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....GC.....	9587			9587
01 AE.TH.04.WG11a_WG11	CT.A.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....GC.....	9113			9113
01 AE.TH.90.CM240	CT.A-A.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....GC.....	8837			8837
01 AE.VI.98.98VNND15	G.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....GC.....	9032			9032
02 AG.CM.08.DE00208CM001	AA.....	AA.....T.....TT.....	A.....AGT.....T-A.....	G.....T.....C.....C.....	8967			8967
02 AG.ES.06.P1261	CA.....	AT-A.....	AGT.....T-TG.....	A.....AGT.....T-A.....	8943			8943
02 AG.FR.91.D1263	C-A.....	A.....T.....TT.....	AGT.....T-T.....	AG.....T-A.....	9638			9638
02 AG.GH.03.03GH181AG	C-A.....	GC.....G.....T.....TG.....	AGT.....T-A.....	AG.....T-A.....	9547			9547
02 AG.LR.x.POC44951	CA.....	A.....CA.....T.....TT.....	AGT.....T-A.....	C-G.....C.....	9073			9073
02 AG.NG.x.IBNIG	CA.....	G.....T.....TT.....	AGT.....T-A.....	G.....C.....	8772			8772
02 AG.SN.98.98SE_MP1211	CA.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	G.....C.....	8706			8706
02 AG.US.06.59Z_2696_FL01	CA.....	G.....T.....TT.....	AGT.....T-A.....	G.....C.....	8758			8758
02 AG.UZ.02.02UZ0683	C-A.....	A.....G.....T.....TT.....	AGT.....T-A.....	G.....C.....	8723			8723
03 AB.RU.97.KA153_2	GC.....	G.....T.....TT.....	AGT.....T-A.....	G.....C.....	8991			8991
04 CPX.CY.94.0406_032_3	CC.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	TCA.....G.....	9603			9603
05 CPX.BY.96.VI1310	TG.....	TA.....T.....T.....	G.....T-A.....	TCA.....G.....	8889			8889
06 CPX.AU.06.BFP90	AG.....	CA.....CG-C.....	T-A.....T.....	TC-A.....G.....	9522			9522
07 BC.CN.98.98CN009	A.....	CA.....CG-C.....	T-A.....T.....	TC-A.....G.....	8719			8719
08 BC.CN.06.nx2	AA.....	CA.....CG-C.....	T-A.....T.....	TC-A.....G.....	8900			8900
09 CPX.GH.96.96GH2911	AG.....	AA.....T.....TT.....	A.....AA.....T-A.....	T-A.....G.....	8961			8961
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	C.....	Y.....ACT-C-A-TGGCGTCTCA.....A.....T.....	GT.....T-A.....	T-A.....G.....	9531			9531
11 CPX.CM.95.95CM_1816	CG.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	TCA.....G.....	8916			8916
12 BF.AR.99.ARMA159		A.....A-G-CG-GCCAGA.....	T.....T-A.....A.....	C-A-T.....AG-G.....	9028			9028
13 CPX.CM.96.96CM_1849	CA-G.....	A.....CT-C.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....A.....	8921			8921
14 BG.ES.05.X1870	CT.....	C-G.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....A.....	8975			8975
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	C.....	C.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....A.....	8748			8748
16 A2D.KR.97.97KR004	A.....	C.....	TA.....G-AG-T-AA.....	T-A.....G.....	8866			8866
17 BF.AR.98.ARMA038	A.....	CC.....	G.....CG-GCCAGA.....	TCA.....G.....	8935			8935
18 CPX.CU.99.CU76	C.....	G.....T.....G.....	GT.....T-A.....	T-A.....G.....	8935			8935
19 CPX.CU.99.CU103	CAAG.....	CT.....AA.....	G.....T.....AA.....	A.....G-C-A.....T-A.....	8761			8761
21 A2D.KE.99.KER2003	A.....	CT-C.....	G.....A.....G.....	G.....T-A.....	8372			8372
22 01A1.CM.01.01CM_0001BBY	CAAG.....	CT.....	G.....T-A.....	A.....G.....T-A.....	8964			8964
23 BG.CU.03.CB118	CAAG.....	CT.....	G.....T-A.....	A.....G.....T-A.....	8925			8925
24 BG.LES.08.X2456_2			G.....T-A.....	A.....G.....T-A.....	8425			8425
25 CPX.CM.02.1918LE			G.....T-TT.....	AGT.....T-A.....	9559			9559
26 AU.CD.02.02CD_MBTOB47	C.....	CT.....	G.....T-C.....	GT.....T-A.....	9572			9572
27 CPX.FR.04.04CD_FR_KZS	CAA-A.....	CC.....	G.....T-C.....	AG.....T-A.....	8886			8886
28 BF.BR.99.BREPM12609		T-G.....G.....	G.....AG-A.....	G.....T-A.....	8979			8979
29 BF.BR.01.BREPM16704			CG-C.....	G-C-A.....A.....G.....A.....T.....	9057			9057
31 BC.BR.04.04BR142	A.....	CG-C.....	CA-A.....T.....	G-A.....G.....A.....G.....AA.....	8772			8772
32 66A1.EE.01.EE0369	C.....	G.....T.....G.....	GT.....T-A.....	G-G.....A.....A.....C.....C-C.....T.....	8854			8854
33 01B.ID.01.01ID_01	CT-A.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	T-A.....G.....A.....C.....C.....GC.....	8650			8650
34 01B.TH.99.OUR2478P	CT-A.....	G.....T.....G.....	AGT.....T-A.....	T-A.....G.....A.....C.....C.....GC.....	8698			8698
35 AD.AF.07.169N	GCTAA.....	G.....T.....TT.....	AGT.....T-A.....	T-A.....G.....A.....C.....C.....	8410			8410
36 CPX.CM.00.00CMNYU830		GCT.....G.....	A-A-G-CG-GTC-A.....	TCA-T.....TC.....	8396			8396
37 BF1.IY.03.IYJ93_3389		G.....T.....G.....	A-A-G-CG-GTC-A.....	A-G.....G.....G.....	8935			8935
38 BF.BR.04.04BRJ179		A-A.....TG.....	G.....T.....G.....	A-A.....G.....G.....	9024			9024
40 BF.BR.05.05BRRJ055			G.....A.....	A-A.....G.....G.....	8942			8942
42 BF.LU.03.LUBT_05_03			G.....A.....	A-A.....G.....G.....	8996			8996
43 BF.SA.03.J11223		CT.....	G.....C-A.....	T-A.....G.....C.....C.....	8985			8985
44 BF.CL.09.CH80		AC.....	G.....T-C.....TT.....	AGT.....A-A.....G.....G.....	8858			8858
45 CPX.FR.04.04FR_AUK	C-A.....	G.....T-C.....TT.....	A.....A.....G.....G.....	GT.....T-A.....	9508			9508
46 BF.BR.07.07BF_FPS625	A.....	G.....T-C.....TT.....	A.....A.....G.....G.....	AG.....T-A.....	8940			8940
47 ES.ES.08.08_02		A.....	G.....A.....T.....G.....	A.....A.....G.....G.....	8476			8476
48 01B.BR.07.07MYKT021	CT.AAA-ACA-	T-G.....G.....	AGT.....T-A.....	T-A.....G.....A.....C.....C.....T.....	8519			8519
49 CPX.GM.03.N2667T	A.....	G.....T-A.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....C.....T.....	8750			8750
51 01B.SC.11.11SG_HM021	CT.A.....	G.....T-A.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....C.....T.....	8869			8869
53 01B.MY.11.11FIR164	AT-AA.....	G.....T-A.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....C.....T.....	8883			8883
54 01B.MY.09.09MYSB023	CT.A.....	G.....T-A.....	ART.....T-A.....	G.....A.....C.....Y-C-T-K.....	8994			8994
55 01B.CN.10.HNC5102056	G.....T-A.....	G.....T-A.....	AGT.....T-A.....	G.....A.....C.....C.....T.....	8873			8873
0.BE.87.ANT70	ATGGTGTGACACTGT.....A.....	AGCAAAGACT-CTGACACTGC.....	-G-A.....G-A.....AG.....	GC-ITTC.....T-A.....	9666			9666
0.CM.91.MVP5180		AGACT-CTGACACTGC.....	GT-G-A.....G-A.....AG.....	GC-ITTC.....T-A.....	9662			9662
0.CM.98.98CMCA104		A-GCAAAGACT-CTGACACTGC.....	GC-TG-A.....G-ATA.....	GC-ITTC.....T-A.....	9182			9182
0.FR.92.VAU		AGCAAAGACT-CTGACACTGC.....	GC-TG-A.....G-A.....A.....	GC-ITTC.....T-A.....	9238			9238
0.SN.99.99SE_MP1299		AGCAGAGACT-CTGACACGGC.....	GT-TG-A.....G-A.....A.....	GC-ITTC.....T-A.....	9728			9728
0.US.10.LTNP			GT-TG-A.....G-A.....A.....	GC-ITTC.....T-A.....	9103			9103
0.US.97.97US08692A	GTGTTGACTGT.....A.....	AACAAAGACT-CTGACATTGC.....	GC-TG-A.....G-A.....AA.....	GC-ITTC.....T-A.....	9147			9147
N.CM.02.DJ00131	ATG.....	CA.....	GC-TG-A.....G-A.....AA.....	GC-ITTC.....T-A.....	8938			8938
N.CM.04.04CM_1015_04	GGACTTAACATG.....	TCA.....	A.....	GC-ITTC.....T-A.....	8926			8926
N.CM.06.U14842			A.....	GC-ITTC.....T-A.....	8637			8637
N.CM.95.YBF30	GGACTTTACACTTG.....	CA.....	A.....T.....TTG.....	GC-ITTC.....T-A.....	9145			9145
N.CM.97.YBF106		CA.....	A.....A.....T.....TG.....	GC-ITTC.....T-A.....	9045			9045
N.FR.11.N1.FR.2011	GGACCTTATGCTTG.....	CA.....	A.....T.....TG.....	GC-ITTC.....T-A.....	8892			8892
P.CM.06.U14788		C-G-AG-TGCTAAAGCT-CTGACACTGC.....	G.....AC-A.....AA.....T-C.....GAGGGCCGAAACAG.....A.....AG-A.....	GC-ITTC.....T-A.....	9177			9177
P.FR.09.RFB168		T-GCAC-TACT.AAGTT-CTGACACTGC.....	G.....AC-A.....AA.....T-C.....GAGGGCCGAAACAG.....A.....AG-A.....	GC-ITTC.....T-A.....	9696			9696
CPZ.CD.06.BF1167	A.....TA.....	CTAAA.....	G.....AC-A.....AA.....T-C.....GAGGGCCGAAACAG.....A.....AG-A.....	GC-ITTC.....T-A.....	9740			9740
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	ACATTTGCTGACA.....	A.....A.....	G.....AC-A.....AA.....T-C.....GAGGGCCGAAACAG.....A.....AG-A.....	GC-ITTC.....T-A.....	9118			9118
CPZ.GA.88.GAB1	ACTGCTGACTCTGC.....	AA.....AA.....	G.....AC-A.....AA.....T-C.....GAGGGCCGAAACAG.....A.....AG-A.....	GC-ITTC.....T-A.....	9639			9639
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	A.....GG.....	A.....A.....	G.....TG-T-GTTA-G.....	TTTG.....A.....AA.....A.....AA.....	9229			9229
CPZ.US.85.US_Marilyn	TGAGGACTTCTA.....	AA.....G.....	G.....TG-T-GTTA-G.....	TTTG.....A.....AA.....A.....AA.....	9612			9612

	TAR element end	Poly-A signal	3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start	
B.FR.83.HXB2	.CTGG.TTAGACCAGATCTAGCCTGGAGCTCTGGC.TA....	.ACTAGGGAACCCACTGCTTA.ACCTCAATAAGCTTGCCTGAGTC.	.TTCAAGTAGTGTGCGCTCTGGTGACTC.TGTTAACTAGAGATCCCTAGACCCCTTAGTCAGTGTG	9705	
A1.AU.03.PS1044 Day0					8667
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538					8750
A1.ES.06.X2110					8774
A1.ES.02.60000					9767
A1.KE.06.06KEst 001					8762
A1.RU.11.11RU6950					9205
A1.RW.07.pR463F					8726
A1.SE.95.SE8538					8816
A1.TZ.01.A341					8758
A1.UA.01.01UADN139					8852
A1.UG.07.p191845					9109
A1.ZA.04.04ZASK162B1					8972
A2.CD.97.97DKTB48					8832
A2.CM.01.01CM1445MV					9060
A2.CY.94.94CY017_41					8777
B.AR.04.04AR14317					8603
B.AU.04.PS1038 Day174					8958
B.BG.09.DEMB09B0061					874
B.BR.09.09BR09					9072
B.CA.09.1191_03					8763
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408					8980
B.CN.10.DEMB10CN002					8787
B.CO.01.PCM001					9056
B.CU.99.Cu19					8140
B.CY.09.CY266					8847
B.DE.04.HIV DE BID_V4131					8892
B.DK.07.PMVL 011					8336
B.DO.05.05DO 160884					8911
B.ES.09.P2149 3					9040
B.FR.08.DEMB08FR002					8805
B.GE.03.03GEM004					8398
B.H1.05.05HT 129389					8399
B.JP.05.05JM101J108					8760
B.KR.07.07KVY4					9077
B.NL.00.671_00T36					9128
B.PE.07.502_2649 w08					9045
B.PY.03.03PY PSP0115					8800
B.RU.11.11RU21n					9165
B.TH.07.AA040a WG11					8939
B.TT.01.01TT CRC5069					8390
B.TW.94.TWCYS LM49					9680
B.UA.01.01UAKV167					8865
B.US.11.E538					9572
B.UY.02.02UY TSU1290					8855
B.VE.10.DEMB10VE001					8984
B.YE.02.02YE507					8836
C.AR.01.ARGA006					8822
C.BR.00.DEMC07BR003					9047
C.BV.00.00BW07621					8747
C.CN.00.10009840					8152
C.CY.99.CY266					8216
C.ES.07.X2118_2					8921
C.ET.02.02ET 288					8822
C.GE.03.03GEM2033					8835
C.IL.98.98IS002					8986
C.IN.03.D24					9816
C.KE.00.KER2010					8817
C.MM.99.mIDU101_3					9073
C.MW.93.93MW 965					8771
C.SN.90.90SE 364					8720
C.SO.89.89SM 145					8822
C.TZ.02.02CT 007					8637
C.US.98.98US MSC3018					8337
C.VE.02.02VE011					8828
C.YE.02.02YE511					8854
C.ZA.10.DEMC10ZA001					8978
C.ZM.02.02ZM108					9696
D.CD.83.ELT					9176
D.CM.10.DEMD10CM009					8965
D.CY.06.CY163					8143
D.KE.07.ML415_2					9087
D.KR.04.04KBHB					9490
D.SN.90.SE365					9633
D.TD.99.MN011					8829
D.TZ.01.A280					8775
D.UG.08.p191859					9749
D.YE.02.02YE516					8797
D.ZA.90.R1					8916
F1.AO.06.A0.06 ANG125					8147
F1.AR.02.ARE933					8338
F1.BE.93.VI850					8903
F1.BR.07.07BR844					9356
F1.CY.08.CY222					8096
F1.ES.08.08E5001					8783
F1.FN.93.FIN9363					8025
F1.FR.96.96FR MP411					8614
F1.RO.96.BCI R07					9747
F1.RU.08.D88 845					9049
F2.CM.10.DEMF210CM007					8936
F2.CM.97.CM53657					8782
G.BE.96.DRCBL					AC-C--AT--A
G.CM.10.DEMG10CM008					9692
G.CN.08.GX_2084_08					8879
G.CU.99.Cu74					8895
G.ES.69.X2634_2					9098
G.GH.93.03GH175G					9007
G.KE.93.HH8793_12_1					9725
G.NG.09.09NG_SC62					9047

	TAR element end	Poly-A signal	3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start	
B.FR.83.HXB2	.CTGG.TTAGACCAGATCTAGCCCTGGAGCTCTGGC.TA....	.ACTAGGGAACCACTGCTTA.ACCTCAATAAGCTTGCCTTGAGTGC.	.TTCAAGTAGTGTGCGCTCTGGTGTGACTC.	.TGTTAACTAGAGATCCCTAGACCCCTTAGTCAGTGTG	9705
G.PT.x.PT3306	...T...T...G...A...AA-CC...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	9566
G.SE.93.SE6165_G6165	...T...T...G...A...AA-CC...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	9074
H.BE.93.VI991	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	9056
H.BE.93.VI997	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	8955
H.CF.90.056	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	8953
H.GB.00.00GBAC4001	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	9081
J.CD.97.J.97DC.KTB147	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	8739
J.CM.04.04CMU1421	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	9077
J.SE.93.SE9288_7887	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	8943
J.SE.94.SE9173_7622	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	8953
K.CD.97.97ZR.EQTBL11	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	8600
K.CM.96.96CM.MPS53	...T...T...G...G...G...	...G...G...G...G...	...G...G...	...G...G...	8604
01 AE_AF.07.569N	...T...G...G...C...A...A-A-CTC-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8762
01 AE_CN.09.1119	...T...G...G...C...A...A-A-CTC-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8857
01 AE_HK.04.HK001	...T...G...G...C...A...A-A-CTC-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9056
01 AE_JP.x.DR0492	...T...G...G...C...A...A-A-CTC-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9670
01 AE_TH.04.BMT1	...T...G...G...C...A...A-A-CTC-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9055
01 AE_TH.90.1111a_WG11	...T...G...G...C...A...A-A-CTC-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9203
01 AE_VI.98.98VNN15	...T...G...G...C...A...A-A-CTC-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8875
02 AG_CM.08.DE00208CM001	...GT-C...T...G...A...G-A-G-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9079
02 AG_ES.05.D1261	...T-T...C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8971
02 AG_FR.91.D1263	...T-T...C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9002
02 AG_GH.03.03GH181AG	...T-T...C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9724
02 AG_LR.x.POC44951	...T-C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9633
02 AG_NG.x.IBNG	...T-C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9201
02 AG_SN.98.98SE.MP1211	...T-C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8851
02 AG_US.06.592.2696.FL01	...T-C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8706
02 AG_UZ.02.02UZ0683	...T-C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8815
03 AB_RU.91.KA153_2	...T-C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8858
04 CPX_CY.94.04CN032_3	...T-C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9550
05 CPX_BI.94.VI1310	...T-C...T...A...G-AGA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9083
06 CPX_AU.06.BFP90	...A-C...T...A...G-AG...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9762
07 BC_CN.98.98CN009	...A-C...T...A...G-AG...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8978
08 BC_CN.06.nx2	...A-C...T...A...G-AG...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9679
09 CPX_GH.96.96GH2911	...T-G...A...C...T-G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8877
10 CD_TZ.96.96TZ.BF061	...A-G...C...T-G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8976
11 CPX_CM.95.95CM.1816	...A-G...C...T-G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9017
12 BF_AR.99.ARMA159	...A-G...C...T-G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9690
13 CPX_CM.96.96CM.1849	...A-G...C...T-G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9116
14 BG_ES.05.X1870	...T-G...C...A...G-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9028
15 01B_TH.99.99TH.MU2079	...T-G...C...A...G-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8999
16 A2D_KR.97.97KR004	...T-G...C...A...G-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9064
17 BF_AR.98.ARMA038	...A-T...A...G-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8808
18 CPX_CU.99.CU76	...A-R...Y-K-Y-W...R-T...TA...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8945
19 BC_CU.99.CU103	...A-G...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9152
20 BC_CU.99.CU103	...A-G...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8935
21 A2D_KE.99.KER2003	...A-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8816
22 01A1_CM.01.01CM.0001BBY	...A-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8372
23 BG CU.03.CB118	...A-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8964
24 BG_ES.08.X2456_2	...A-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8925
25 CPX_CM.02.1918LE	...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8425
26 AU_CD.02.02CD.MBTB047	...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9717
27 CPX_FR.04.04CD.FR.KZS	...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9731
28 BF_BR.99.BREPM12609	...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8886
29 BF_BR.01.BREPM16704	...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8979
31 BC_BR.04.04BR142	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9057
32 66A1_SE.01.EE0369	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8729
33 66A1_ID.01.EE0369.C	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8936
34 01B_TH.99.OUR2478P	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8650
35 AD_AF.07.169H	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8698
36 CPX_CM.00.00CMNYU830	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8410
37 CPX_CM.00.00CMNYU926	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8396
38 BF1_IY.03.IY03_3389	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8935
39 BF_BR.04.04BR1179	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9057
40 BF_BR.05.05BRRJ055	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9042
42 BF_LU.03.LUBR_05_03	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9063
43 02G_SA.03.J11223	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9085
44 BF_CL.00.CH80	...T-C...T...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8858
45 CPX_FR.04.04FR.AUK	...A-G...C...T-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	A9667
46 BR_BR.07.07BR.FPSG25	...A-G...C...T-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9099
47 ES_ES.08.08_02	...A-G...C...T-A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8926
48 01B_TH.97.67MYKT021	...T-G...G...C...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8884
49 CPX_GM.03.N266771	...T-G...G...C...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8519
51 01B_SC.11.11SG.HM021	...T-G...G...C...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8807
52 01B_MY.03.03MYKL018_1	...T-G...G...C...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8925
53 01B_MY.11.11FIR164	...T-G...G...C...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8954
54 01B_MY.09.09MYMS023	...T-G...G...C...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9069
55 01B_CN.10.HNC5102056	...T-G...G...C...A...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8925
0.BE.87.ANT70	...G-TA.GAG...G...C...C...C...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...A.G...	...A.GAAGCAGT...CT-ATC-G-TCAA...	9753
0.CM.91.MVP5180	...G-TA.GAG...G...C...C...C...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...A.G...	...A.GAAGCAGT...CT-ATC-G-TCAA...	9792
0.CM.98.98CMCA104	...G-TA.GAG...G...C...C...C...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...A.G...	...A.GAAGCAGT...CT-ATC-G-TCAA...	9243
0.FR.92.VAU	...G-TA.GAGA...G...C...C...C...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...A.GAAGCA...	...A.GAAGCAGT...CT-ATC-G-TCGA...	9330
0.SN.99.99SE.MP1299	...G-TA.GAGA...G...C...C...C...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...A.GAAGCA...	...A.GAAGCAGT...CT-ATC-G-TCGA...	9858
0.US.10.LTNP	...G-TA.GAGA...G...C...C...C...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...A.GAAGCA...	...A.GAAGCAGT...CT-ATC-G-TCGA...	9103
0.US.97.97US08692A	...G-TA.GAGA...G...C...C...C...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...A.GAAGCA...	...A.GAAGCAGT...CT-ATC-G-TCGA...	9147
N.CM.02.DJ00131	...T-C...G...T...A...T...ATAT...G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8938
N.CM.04.04CM.1015_04	...T-C...G...T...A...T...ATAT...G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8926
N.CM.06.U14842	...T-C...G...T...A...T...ATAT...G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8637
N.CM.95.YBF30	...T-C...G...T...A...T...ATAT...G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9182
N.CM.97.YBF106	...T-C...G...T...A...T...ATAT...G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	9045
N.FR.11.N1.FR.2011	...T-C...G...T...A...T...ATAT...G...	...G...G...A...A...	...G...G...	...G...G...	8892
P.CM.06.U14788	...GT.AC...TA...TC...AGCA...G...AAA...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...A.G-A-C...	...G.AC-CTAG-C-A...	9238
P.FR.09.RBF168	...GT.AC...TA...TC...AGCA...G...AAA...	...CTAGCT...G-CG...CG...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...G.TC-GA-G-TAA...	9854
CPZ_CD.06.BF1167	...GTCT.ACCT...A...T...GTCAGGGC...T-AG...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...G.TC-GA-G-TAA...	9903
CPZ_CD.05.SIVcpzMT145	...T-C...G...C...G...T...AC...C...GTG-A...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...G.TC-GA-G-TAA...	9208
CPZ_GA.88.GAB1	...G-CT.AACTG...G...GTA...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...G.TC-GA-G-TAA...	9798
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	...G-CT.AACTG...G...GTA...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...G.TC-GA-G-TAA...	9322
CPZ_US.85.US_Marilyn	...G-CT.AACTG...G...GTA...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...GAGAGT...ATCAGT...CC-ATC-AT-CCGGCGGG...	...G.TC-GA-G-TAA...	9768

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Alignments

	3' LTR U5 end	GAAATCTCTAGCA....	9719
B.FR.83.HXB2		8667
A1.AU.03.PS1044 Day0		8750
A1.CH.03.HIV CH_BID_V3538		8754
A1.EG.96.X2110	A	9781
A1.ES.02.60000		8762
A1.KE.06.06KEst 001		9205
A1.RU.11.11RU6950		9739
A1.RW.07.pR463F	A	8816
A1.SE.95.SE8538		8758
A1.TZ.01.A341		8852
A1.UA.01.01UADN139		9854
A1.UG.07.p191845	A	9109
A1.ZA.04.04ZASK162B1		8972
A2.CD.97.97CDKT848		8832
A2.CM.01.01CM 1445MV		9060
A2.CY.94.94CY017_41		8777
B.AR.04.04AR143174		8603
B.AU.04.PS1038 Day174		8958
B.BG.09.DEMB09B0061		8974
B.BR.09.09BR09		9072
B.CA.09.1191_03		8763
B.CH.04.HIV CH_BID_V4408		8980
B.CN.10.DEMB10CN002		8787
B.CO.01.PCM001		9056
B.CU.99.Cu19		8140
B.CY.99.CY266		8847
B.DE.04.HIV DE_BID_V4131		8892
B.DK.07.PMVL 011		8336
B.DO.05.05DO 160884		8911
B.ES.09.P2149 3		9040
B.FR.08.DEMB08FR002		8805
B.GE.03.03GEM004		8398
B.HI.05.05HT 129389		8360
B.IR.05.05IMKJ108		9677
B.JP.05.05JPN038		9128
B.KR.07.07KVY4		9299
B.NL.00.671_00T36	C-A-G-TTG	9045
B.PE.07.502_2649 w08		8800
B.PY.03.03PY PSP0115		9165
B.RU.11.11RU21n		8939
B.TH.07.AA040a WG11		8390
B.TT.01.01TT CRC5069		9694
B.TW.94.TWCYS LM49		8865
B.UA.01.01UAKV167		9572
B.US.11.ES38		8855
B.UY.02.02UY TSU1290		8984
B.VE.10.DEMB10VE001		8836
B.YE.02.02YE507		8822
C.AR.01.ARGA006		8824
C.BR.00.DEMC07BR003		9047
C.BU.60.00BW07621		9047
C.CN.99.100CN9840		8152
C.CY.99.CY266		8216
C.ES.07.X2118_2		8921
C.ET.02.02ET 288		8822
C.GE.03.03GEM2033		8835
C.IL.98.98IS002		8986
C.IN.03.D24		9830
C.KE.00.KER2010		8817
C.MM.99.mIDU101_3		9073
C.MW.93.93MW 965		8771
C.SN.90.90SE 364		8720
C.SO.89.89SM 145		8822
C.TZ.02.02TZ 007		8637
C.US.98.98US MSC3018		8337
C.VE.02.02VE011		8854
C.ZA.10.DEMC10ZA001		8978
C.ZM.02.02ZM108		9696
D.CD.83.ELT		9176
D.CM.10.DEMD10CM009		8965
D.CY.06.CY163		8143
D.KE.07.ML415_2		9087
D.KR.04.04KBHB		9490
D.SN.90.SE365		9633
D.TD.99.MN011		8829
D.TZ.01.A280		8775
D.UG.08.p191859		9763
D.YE.02.02YE516		8797
D.ZA.90.R1		8916
F1.AO.06.AO.06 ANG125		8147
F1.AR.02.ARE933		8338
F1.BE.93.V1850		8903
F1.BR.07.07BR844		9356
F1.CY.08.CY222		8096
F1.ES.07.07ES05001		8928
F1.FI.93.FIN9363		8925
F1.FR.96.96FR MP411		8614
F1.RO.96.BCI R07		9747
F1.RU.08.D88_845		9049
F2.CM.10.DEMF210CM007		8936
F2.CM.97.CM53657	A	8782
G.BE.96.DRCBL		9705
G.CM.10.DEMG10CM008		8979
G.CN.08.GX_2084_08		8895
G.CU.99.Cu74		9098
G.ES.99.X2634_2		9007
G.GH.03.03GH175G		9725
G.KE.93.HH8793_12_1		9047
G.NG.09.09NG_SC62		8812

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

	3' LTR U5 end ₋ GAAATCTCTAGCA...	9719 9566 9074 9056 8955 8953 9081 8739 9077 8943 8953 8600 8604 8762 8857 9056 9670 9720 9055 9203 8875 9079 8971 9002 9724 9633 9201 8851 8706 8815 8808 9050 9083 9775 8978 9680 8891 8976 9017 9704 8916 9028 8999 9064 8808 8945 8512 8935 8816 8372 8964 8925 8425 9731 9745 8886 8979 9057 9229 8936 8650 8698 8410 8396 8935 9057 9042 9063 9085 8858 9680 914 8926 8884 8519 8807 8925 8954 9069 8925 9753 9792 9243 9330 9858 9103 9147 8938 8926 8637 9182 9045 8892 9238 9868 9917 9208 9811 9322 9782
B.FR.83.HXB2		
G.PT.x.PT3306		
G.SE.93.SE6165_G6165		
H.BE.93.VI991		
H.BE.93.VI997		
H.CF.90.956		
H.GB.90.90GBAC4001		
J.CD.97.J.97DC_KTB147		
J.CM.04.04CMU1421		
J.SE.93.SE9288_7887		
J.SE.94.SE9173_7622		
K.CD.97.97ZR_EQTB11		
K.CM.96.96CM_MP535		
01 AE_AF.07.569N		
01 AE_CN.09.1119		
01 AE_HK.04.HK001		
01 AE_JP.x.DR0492		
01 AE_TH.04.BMT		
01 AE_TH.04.1111a_WG11		
01 AE_TH.90.CM240		
01 AE_VI.98.98VNND15		
02 AG_CM.08.DE00208CM001		
02 AG_ES.06.P1261		
02 AG_FR.91.D1263		
02 AG_GH.03.03GH181AG		
02 AG_LR.x.POC44951		
02 AG_NG.x.IBNG		
02 AG_SN.98.98SE_MP1211		
02 AG_US.06.592_2696_FL01		
02 AG_UZ.02.02UZ0683		
03 AB_RU.93.KA0153_2		
04 cpx_BY.94.04C032_3		
05 cpx_BY.94.VII310		
06 cpx_AU.06.BFP90	A-----	
07 BC_CN.98.98CN009		
08 BC_CN.06.nx2	A-----	
09 cpx_GH.96.96GH2911	A-----G..	
10 CD_TZ.96.96TZ_BF061		
11 cpx_CM.95.95CM_1816		
12 BF_AR.99.ARMA159		
13 cpx_CM.96.96CM_1849		
14 BG_ES.05.X1870		
15 01B_TH.99.99TH_MU2079		
16 A2D_KR.97.97KR004		
17 BF_AR.99.ARMA038		
18_cpx_CU.99.CU76		
19_cpx_CU.99.CU7		
20 BC_CU.99.CU103		
21 A2D KE.99.KER2003		
22 01A1_CM.01.01CM_0001BBY		
23 BC_CU.03.CB118		
24 BG_ES.08.X2456_2		
25 cpx_CM.02.1918LE		
26 AU_CD.02.02CD_MBTB047	A-----G..	
27 cpx_CD.04.04CD_FR_KZS		
28 BF_BR.99.BREPM12609		
29 BF_BR.01.BREPM16704		
31 BC_BR.04.04BR142		
32_66A1_SE.01.EE0369		
33_66A1_ID.01.EE0369_L		
34 01B_TH.99.OUR2478P		
35 AD_AF.07.169H		
36 cpx_CM.00.00CMNYU830		
37 cpx_CM.00.00CMNYU926		
38 BF1_IY.03.IY093_3389		
39 BF_BR.04.04BRJ179		
40 BF_BR.05.05BRRJ055		
42 BF_LU.03.tUBR.05_03		
43 02G_SA.03.J11223		
44 BF_CL.09.CH80		
45 cpx_FR.04.04FR_AUK		
46 BF_BR.07.07BF_FPS625		
47 BF_ES.08.08A2		
48 01K_07.07.07MYKT021	A-----G..	
49 cpx_GM.03.N26677		
51 01B_SC.11.115G_HM021		
52 01B_MY.03.03MYKL018_1		
53 01B_MY.11.11FIR164		
54 01B_MY.09.09MYSB023		
55 01B_CN.10.HNC5102056		
0.BE.87.ANT70		
0.CM.91.MVP5180		
0.CM.98.98CMCA104		
0.FR.92.VAU		
0.SN.99.99SE_MP1299		
0.US.10.LTNP		
0.US.97.97US08692A		
N.CM.02.DJ00131		
N.CM.04.04CM_1015_04		
N.CM.06.U14842		
N.CM.95.YBF30		
N.CM.97.YBF106		
N.FR.11.N1_FR_2011		
P.CM.06.U14788		
P.FR.09.RBF168		
CPZ_CD.06.BF1167	A-----C-GG..	
CPZ_CD.05.SIVcpzMT145		
CPZ_GA.88.GAB1	A-----	
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13		
CPZ_US.85.US_Marilyn	A-----G..	